

1/74

**Fig. 1A**

SEQ ID		1	50
NO			
208	HCV-1	1a	ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG
209	HCV-J	1b	-----A-----G-----C-----
210	HCG9	1c	-----G-----C-----
1	BNL1	1d	-----G-----C-----
5	BNL2	1d	-----G-----C-----
9	CAM1078	1e	-----G-----C-----A-A-----
11	FR2	1f	-----G-----C-----C-----
211	HC-J6	2a	-----A-----G-----C-----A-A-----
212	HC-J8	2b	-----A-----G-----C-----A-A-----A-----
213	S83	2c	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
214	NE92	2d	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
17	FR4	2f	-----A-----G-----CT-----A-A-----T-----
13	BNL3	2e	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
21	BNL5	2h	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
215	NZL1	3a	-----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----
216	HCV-TR	3b	-----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----
217	NE48	3c	-----ACT---A---C-----G-----C-----A-A-----T-----
218	NE274	3d	-----ACT---A---C-----G-----C-----A-A-----T-----
219	NE145	3e	-----ACT---A---C-----G-----C-----A-A-----GT-----
220	NE125	3f	-----ATT-----G-C---CC-----A-A-----ACC-----
221	Z4	4a	-----G-----C-----
222	Z1	4b	-----A-----G-----C-----
223	GB358	4c	-----G-----C-----
224	DK13	4d	-----G-----C-----
225	GB809	4e	-----T-----G-----C-----
27	BNL7	4k	-----G-----C-----
226	BE95	5a	-----G-----C-----A-A-----
227	HK2	6a	-----ACT---A---C-----G-----C-----A-A-----
228	FR1	9a	-----ACT---A---C-----G-----C-----A-A---T---T-----
43	VN4	7c	-----ACT---A---C-----G-----C-----A-A-----T-----
45	VN13	7a	-----ACT-----G-----C-----A-----
47	VN12	7d	-----ACT---A---C-----G-----C-----A-A-----A-----
49	NE98	10a	-----ACT-----A---G-----C-----A-A-----N

2/74

**Fig. 1B**

SEQ ID		51	100
NO			
208	HCV-1	1a	TCGCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG
209	HCV-J	1b	C-----T-----C--T-----
210	HC-G9	1c	C-----T-----C-----C-----
1	BNL1	1d	C-----T--K-GS--NNNNNNN-----
5	BNL2	1d	C-----N-----T-----
9	CAM1078	1e	C-----C--T--C-----
11	FR2	1f	C-----T--A-----G--G-----G-----
211	HC-J6	2a	-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----
212	HC-J8	2b	C-----T-----C-----C-----
213	S83	2c	C-----C--T--C-----C-----
214	NE92	2d	C-----C--T--C-----C-----
17	FR4	2f	-----T-----C-----C-----C-----
13	BNL3	2e	C-----C-----C-----C-----
21	BNL5	2h	C-----T-----C--T--C-----C-----
215	NZL1	3a	-----A-----
216	HCV-TR	3b	-----A-----T-----C-----A-----
217	NE48	3c	-----C-----
218	NE274	3d	-----T-----C-----C-----
219	NE145	3e	-----G--A-----T-----C-----C-----
220	NE125	3f	C-----C--T--G-----
221	Z4	4a	C-----CAT-----A-----T--C-----C-----
222	Z1	4b	-----CAT---T--G--A-----C-----C-----C-----
223	GB358	4c	C-----CAT-----T-----C--T--C-----C-----
224	DK13	4d	C-----AT-----T-----C-----C-----
225	GB809	4e	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----
27	BNL7	4k	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----
226	BE95	5a	-----C--T-----C-----
227	HK2	6a	-----AC-----C-----
228	FR1	9a	-----TAT-----C-----C-----
43	VN4	7c	C-----C-----
45	VN13	v	-----
47	VN12	7d	-----AT---T-----C-----
49	NE98	10a	C--G-----T-----A--C-----

3/74

**Fig. 1C**

SEQ ID		101	150
NO			
208	HCV-1	1a TTTACTTGTGTCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA	
209	HCV-J	1b -----C-----C-G-----T--G	
210	HC-G9	1c -----C-----G-----G	
1	BNL1	1d -----C-----C-GNN-----T--G	
5	BNL2	1d -----C-----C-G-----C--G	
9	CAM1078	1e -C--G--C-A-----AG--C-G	
11	FR2	1f -----C--G-----G	
211	HC-J6	2a -A-----C--G-----A--G	
212	HC-J8	2b -----C-----C--G-----A--G	
213	S83	2c -A-----C-----G-----G	
214	NE92	2d -A-----CC-G-----G	
17	FR4	2f -----C--G-----C-A--G	
13	BNL3	2e -----C-----	
21	BNL5	2h -A-----CC-G-----G	
215	NZL1	3a -A--G-----AC-----C-T	
216	HCV-TR	3b -A--TG--C-----T-----AC-----AGTAC-T	
217	NE48	3c -A--G-----CT-----T--AC-T	
218	NE274	3d -C-----AC-----A-----AGTTC-T	
219	NE145	3e -A-----AC-----A--TC-T	
220	NE125	3f -A--G-A-----AC-----AGT-C-T	
221	Z4	4a -----C--G-----TC--	
222	Z1	4b -----C-----CC-G-----AG-TC-G	
223	GB358	4c -----C--G-----T--G	
224	DK13	4d -----G-----T--G	
225	GB809	4e -----G-----TC-G	
27	BNL7	4k -----C--G-----TC-G	
226	BE95	5a -----GA-----TC-G	
227	HK2	6a -----CC-G-----	
228	FR1	9a -----C-T-----	
43	VN4	7c -C-----C-----GC-C-----	
45	VN13	7a -----C-T-----G	
47	VN12	7d -C-----A-----AC-T-----G	
49	NE98	10a -----G--C-A--A-----CCAG-----T--AGT-C-C	

4/74

Fig. 1D

SEQ ID		151	200
NO			
208	HCV-1	1a	AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA
209	HCV-J	1b	-----T--A--G--A--A-----
210	HC-G9	1c	-----C--G--G-----T-----
1	BNL1	1d	-----A-----T--C--G--A-----
5	BNL2	1d	-----G-----T-AC--G--A-----T--T--
9	CAM1078	1e	-----G-----T--G--G--C--A-----T-----
11	FR2	1f	-----C--A--G--A-----
211	HC-J6	2a	-----G-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
212	HC-J8	2b	-----T-----A--C--G--G--T--AC-----C-----C-----G--
213	S83	2c	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--
214	NE92	2d	--A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----
17	FR4	2f	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--
13	BNL3	2e	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
21	BNL5	2h	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--
215	NZL1	3a	--A-----T--A-----A--G-----C--AC-----A-----
216	HCV-TR	3b	-----G-----CAAACAG-----C-T-----
217	NE48	3c	-----A--G-----C--CGC--G--G-----
218	NE274	3d	--A-----AG-----C--CAACC--G--G-----
219	NE145	3e	-----A-----A-----C--C--AC--G--A-----T-----
220	NE125	3f	--AT-----C--AC--G--G-----
221	Z4	4a	-----G-----T--C--G-----A-----
222	Z1	4b	-----G-----A-----T--C--G-----
223	GB358	4c	-----G-----T--G-----
224	DK13	4d	-----G-----T--G--G--C-----
225	GB809	4e	-----G-----T--G--G--C--A-----
27	BNL7	4k	-----G-----T--G-----C--A-----
226	BE95	5a	-----G--A-----C--T--AC--G-----T-----
227	HK2	6a	-----A--C--G--CA-----C--G--C--A-----A--A--
228	FR1	9a	-----C-----A-----C--G--A-----C--G--C-----C--A--A--
43	VN4	7c	-----T--A-----C--G--CA-----G--C--A--A--A-----
45	VN13	7a	--A-----T--A-----C--G--CA--G-----C--A-----A--G--
47	VN12	7d	-----G--A-----C--GG--CA-----G--C--A--A--A-----
49	NE98	10a	-----CA-----G--C--A--C-----G

5/74

**Fig. 1E**

SEQ ID		201	250
NO			
208	HCV-1	1a	GGCTCGTCGGCCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCCGGGTACCCCTTGGC
209	HCV-J	1b	-----C-----T-----
210	HC-G9	1c	---C--C--A-----A---T-----G-----
1	BNL1	1d	-----Y---Y-----T-----T-----
5	BNL2	1d	-----C-A-T-----T-----NN-----A---C-T--C----
9	CAM1078	1e	--AG--C--A-----T-----
11	FR2	1f	-----C--A-----T-----T-----A----
211	HC-J6	2a	--A---G--CT--ACT----AAT-----GAA-A--A--A-----C----
212	HC-J8	2b	A-A---G--CT--ACC----A-T-----GAA---A--A--T-----
213	S83	2c	A-A---G--CA--ACT----A-T-----GAAG---A--A-----
214	NE92	2d	A-A---G--C--ACT----A-T-----GAA-A--A--A-----
17	FR4	2f	A-A---G--CG--ACT----A-T-----GA-GT--A--A-----
13	BNL3	2e	A-A---GN-NG--ACT-----T-----GA-GT--A--A--T--C----
21	BNL5	2h	A-A---G--CT--ACT----AAT-----GA-GT--A--A-----
215	NZL1	3a	---G-----AG---A--C--T-----
216	HCV-TR	3b	-----CTC--G-----C--T-----
217	NE48	3c	---G-----TGG-----AC--T-----G-----
218	NE274	3d	---A-----AG-----C--T-----T-----
219	NE145	3e	---A--C-C-AG--GA--AC--T-----G-----T-----C----
220	NE125	3f	---A--C--AAG-----C--T-----C-----T-----
221	Z4	4a	---G--C-A---A-----AT-----G-----
222	Z1	4b	---G--C---T-----T-----
223	GB358	4c	---A-----AT-T-----A--T-----A-----
224	DK13	4d	---G--C-AA-T-----T--T-----T-----T-----
225	GB809	4e	---G--C--AT-----AT-----G-----T-----
27	BNL7	4k	---G-----AT-----A--T-----A-----A--A--T--A----
226	BE95	5a	---G--C-A---AC---C--T-----G---A-----
227	HK2	6a	---G--C-A---C-----CA-----A-----
228	FR1	9a	--TA--C-A---GACA---C-T-G-----G---A-----C-----
43	VN4	7c	A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C-----
45	VN13	7a	--TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C-----
47	VN12	7d	--TG--C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C-----
49	NE98	10a	---G--C--AA-----T-----

6/74

**Fig. 1F**

SEQ ID	NO	251	300
208	HCV-1	1a	CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC
209	HCV-J	1b	-----C-----TATG-----A-----A-----
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----C-----
1	BNL1	1d	-----N-----C-----
5	BNL2	1d	-----A-----C-----
11	FR2	1f	-----CT--C-----A-----C--T
211	HC-J6	2a	---A--C--G-----ACT---C---A-----C---
212	HC-J8	2b	---G--C--A--C-----T---C-----T-----C---
213	S83	2c	---G---G-----CT---C---A--G-----C---
214	NE92	2d	---G--C--G-----CT---C---A--G-----C---
17	FR4	2f	---G--C--G--C-----CT---C---A--G-----C---
13	BNL3	2e	---G---G--C-----GCT---C---A-----C---
21	BNL5	2h	---G---G--C-----CTT--T---A-----T---C--T
215	NZL1	3a	-----T--C-----A--G-----C--A
216	HCV-TR	3b	-----C--G--A-----T---T---A-----T---C---
217	NE48	3c	-----C--T-----C-----
218	NE274	3d	-T--T-----T-----A-----T---C---
219	NE145	3e	-----T--C-----A--G-----T-----T
220	NE125	3f	-----G-----T-----A-----
221	Z4	4a	-----A--G-----T
222	Z1	4b	---T--C-----T-----A--G-----C---
223	GB358	4c	-T--T--C--T-----T-----A--T
224	DK13	4d	---T--C-----A---
225	GB809	4e	---T--C-----T-----A--G-----C--T
27	BNL7	4k	-T--T--C--T-----T-----ANN-----T---C---
226	BE95	5a	---T--C--C-----CT-----A--G---G--C--C--T
227	HK2	6a	-T--T-----A--C-----T-----A--T-----C---
228	FR1	9a	---T-----C-----A-----C---
43	VN4	7c	-T--T-----A-----T--T-----A--C-----C---
45	VN13	7a	-T--T-----G-----T--T--C-----A--G-----C---
47	VN12	7d	---T-----G--C-----C-----G-----T---C---
49	NE98	10a	---A-----G-----A--G-----C--G

7/74

Fig. 1G

SEQ ID			301	350
NO				
208	HCV-1	1a	CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCGGCGTAGGTCGCG	
209	HCV-J	1b	-----T-----	
210	HC-G9	1c	--C-----T-----TT-T-----G-----A--	
1	BNL1	1d	--C-----	
5	BNL2	1d	--C-----	
11	FR2	1f	--C-----C--T-----AT-----A-----A--A--	
211	HC-J6	2a	--A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--	
212	HC-J8	2b	--C--G-----T-----CT-----C-----A--A--A--	
213	S83	2c	--C--T-----C--TCA-----C-----A--AA-----	
214	NE92	2d	--A--G-----C--GTCA-----A--T-----AC-----A--	
17	FR4	2f	--G-----C--CTCG-----A-AC-----AC-----A--	
13	BNL3	2e	--A-----	
21	BNL5	2h	--A-----	
215	NZL1	3a	--C-----C--T--ATC-----A-AT-----G-----C--	
216	HCV-TR	3b	-----T-----C-----T-----A-AT-----A--C--	
217	NE48	3c	--C--T-----G-----A-AT-----A--A--C--	
218	NE274	3d	--C-----ATCT-----AT-----A-----T--	
219	NE145	3e	--C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--	
220	NE125	3f	-----C--C-----T-----A-AT-----A--A--	
221	Z4	4a	--C-----ATCT-----A-AT--T-----G--A-----	
222	Z1	4b	--C--T--CA-----GTCT-----AT--T-----C--	
223	GB358	4c	-----A--GTCT-----A-AT--T-----A-----C--	
224	DK13	4d	-----GTCT-----G-AT--T-----G-----C--	
225	GB809	4e	--C--G-----GTCT-----T-AT--T-----G-----C--	
27	BNL7	4k	--C--T----	
226	BE95	5a	--A-----AT-----AT-----A-AA-----	
227	HK2	6a	--C-----C-----ACAT-----AT-----C-A--C--	
228	FR1	9a	--C--G-----T----AT-----AC-----A-----C--	
43	VN4	7c	--C-----C--A-AT-----A-AC-----G-----C--	
45	VN13	7a	-NC-----C----AT-----T-AT-----N-G-----C--	
47	VN12	7d	-----C--GGA-----N----AT-----N-G-----C--	
49	NE98	10a	--C-----	

8/74

**Fig. 1H**

SEQ ID		351	400
NO			
208	HCV-1	1a	CAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA
209	HCV-J	1b	T-----A-----
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----
11	FR2	1f	-----A-----T-----T-----
211	HC-J6	2a	---CG-----A-----T-----
212	HC-J8	2b	-----C-GA-----A-----T--T--T-----
213	S83	2c	---C-----A-----T--T-----
214	NE92	2d	---C-----T-----T-----
17	FR4	2f	---C-----C-----T-----T-S-----
15	BNL3	2e	-----N-NT-----
215	NZL1	3a	-----A-----A-----A-----
216	HCV-TR	3b	---C--T-----A-----T--A-----
217	NE48	3c	-----A-----G-----
218	NE274	3d	---CC-----A-----A-----A-----T-----
219	NE145	3e	-----C--T--C--A-----G-----T-----
220	NE125	3f	---C-----C-----T--A-----T-----
221	Z4	4a	---C-----G-----
222	Z1	4b	T---C-----A-----G-----T-----
223	GB358	4c	---C-----A--C-----T-----
224	DK13	4d	---C-----A--T-----
225	GB809	4e	---CC-----A--A-----
226	BE95	5a	T-----A-----A-----T-----
227	HK2	6a	G-----A-----T--G-----T-----
228	FR1	9a	---C-----A-N---NC-A-----
43	VN4	7c	---C-----A-----C-----T-----
45	VN13	7a	---CC-----T--N--S-----
47	VN12	7d	---CC-----C-----C--T-----



9/74

**Fig. 11**

SEQ ID	NO		401	450
208	HCV-1	1a	TGGGGTACATACCGCTCGTTCGGCGCCCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC	
209	HCV-J	1b	-----T-----T-----C--A--G-----	
210	HC-G9	1c	-----C-----T-----A--G-----A--T	
11	FR2	1f	-----T-----C--A--G-----T---AA--	
211	HC-J6	2a	-----C--TG---A-----G--C--C---TC-----A--T	
212	HC-J8	2b	-----C--TG---T-----GG-----TC-----A--T	
213	S83	2c	-----CG-----T---CG---C---T---A---	
214	NE92	2d	-----C--TG-----AG---T--T--TC-----A--T	
17	FR4	2f	-----TG-----G--G--C---T---A---	
15	BNL3	2e	-----N--CG-T-----GG-G--C--G--TN-----	
215	NZL1	3a	-----C-----T---G-A-----TC--A--A---	
216	HCV-TR	3b	-----T-----G-G--G---TC--A--A---	
217	NE48	3c	-----T-----CG-G--G---T---A-----	
218	NE274	3d	-----T-----T---G-A--G---TC--A--A--T	
219	NE145	3e	-----T--T-----T--GG-A-----TC--G-----	
220	NE125	3f	-----T-----T--T---CG-A--G---TC--A-----	
221	Z4	4a	----A----C---A---G-----CG-G--G---TC-----T	
222	Z1	4b	----A----T-----A-----G-G--T---TC-----	
223	GB358	4c	----A----C-----A-----CG-G--T---TC-----	
224	DK13	4d	----A----C---G---A-----CG-G--T---TC-----A---	
225	GB809	4e	----A----C-----T--A-----CG-G--T---TC-----A---	
226	BE95	5a	-----T--C-----A---G---CA---G---TC--A-----T	
227	HK2	6a	-----T--CG---G---G---T-G--C---TC--GGCT--G	
228	FR1	9a	-----C--TG--C-A--A-GG--G-----C---T---GGCT---	
43	VN4	7c	-----T--C--TG---A---T--GW-G-----TC--GGN----	
45	VN13	7a	-A-A-----T--	
47	VN12	7d	---A-----C--TG---T-----C-----T---GGC--AA	

10/74

**Fig. 1J**

SEQ ID		451	500
NO			
208	HCV-1	1a	CTGGCGCATGGCGTCCGGGTCTGGAAGACGGCGTGAACATATGCAACAGG
209	HCV-J	1b	-----A-----T-----G-----
210	HC-G9	1c	-----A-----T--TA-A--C-----T--C-----
3	BNL1	1d	-----
7	BNL2	1d	-----
11	FR2	1f	---N-A-----T-----C---N--G-----TNNNNNNNNNNNN
211	HC-J6	2a	--C-----GA-A--C---G---G--T--T-T-----
212	HC-J8	2b	-----A--C--T--TA---C---G---GA-A--T--C-----
213	S83	2c	--C--C---G--GA-----G---GA-A--T-----G--
214	NE92	2d	--C-----GA-A-----GA-A-----
15	BNL3	2e	--C--N-----G---C---G---GA-A--T---N-----
17	FR4	2f	--C-----G---C---G---GA-A--T-----
19	BNL4	2g	-----G--A--T-----
23	BNL5	2h	-----GA-A-----C-----
25	BNL6	2i	-----GA-A-----
215	NZL1	3a	--C-----GA---CC--T-----GA-A--T-TC-----
216	HCV-TR	3b	--C--T-----T--GA---CA--T-GG---A-----
217	NE48	3c	--C-----GA---C---T--G---GA-T---TC-----
218	NE274	3d	--C--A-----T--GA-A-CC--T--G---AA-A--T-TC-----
219	NE145	3e	--C--A--C--G--AA---C--C--G---AA-A--T-T-----
220	NE125	3f	--A--A-----T--GA---C---T--G---AA-A--T-----
221	Z4	4a	-----A--C-G---G---GA-T-----
222	Z1	4b	-----A---CCG---G---AA-T---C-----
223	GB358	4c	-----A--C--T--TA---C-G---G---GA-C--T---G-----
224	DK13	4d	-----A--C-----G---G--C--T-----
225	GB809	4e	-----A--C--T--TA---C-G-----GA-C---C-----
29	BNL7	4k	-----GA-C--T-T-----
31	BNL8	4k	-----GA-C--T-----
33	BNL9	4k	-----GA-T--T-----
35	BNL10	4k	-----GA-C--T-----
37	BNL11	4k	-----GA-T--T-----
39	BNL12	4l	-----GA-C--T-----
226	BE95	5a	--C--A--C--T--GA---C--T--G---G--A-----
227	HK2	6a	--C--A-----GA---CAA-C--G---GA-C--T-----
228	FR1	9a	-----TA---CAA-C--G---G--C--T--C-----
43	VN4	7c	T-----G---AN--NCA-C--G---N--A--T--C-----N
47	VN12	7d	----NA-----T---A---CCA-C--G---GA-A-----
51	NE98	10a	-----AA-T--T-TC-----

11/74

**Fig. 1K**

SEQ ID		501	550
NO			
208	HCV-1	1a	GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT
209	HCV-J	1b	---T--G--C-----CT-A--TT---G---
210	HC-G9	1c	-----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C-
3	BNL1	1d	---T-G--C-----CT---TT---G--C-
7	BNL2	1d	---TT-G-----CT-A--TT-T--G--C-
11	FR2	1f	N-----N-----NN-----CT---NT-A-----
211	HC-J6	2a	---T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C-
212	HC-J8	2b	---TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A-
213	S83	2c	---TT-G--C-----T--CT-----CT-G---
214	NE92	2d	---T-G--C-----C--T-----T-AT-----A---
15	BNL3	2e	-----C-----C--T-----TNGT---T--T--G---
17	FR4	2f	---T-G--C-----C--T-----T-G---T--CT-G---
19	BNL4	2g	---T--G-----T-GT---T--T--G---
23	BNL5	2h	---T--G--C-----C--T-----T-G-----T--A--C-
25	BNL6	2i	---G-----C--T-----T-A-----T---
215	NZL1	3a	---T-G--C-----C--T-----T--T--T-----
216	HCV-TR	3b	---T-----C--T-----T---C--C--T--CT---C-
217	NE48	3c	---TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT---A-
218	NE274	3d	---TT-A--C-----T-G--T--TT-----
219	NE145	3e	-----C-----T-----T-G--T--T---G--A-
220	NE125	3f	---TT-G--C-----C--T-----T--T--CT---A-
221	Z4	4a	---T-----C-----T---A--T--T--G-
222	Z1	4b	-----T-----T---A--T-----G-
223	GB358	4c	---T-----C-----T-CT---A--T--T--G-
224	DK13	4d	---T-----C-----CT---A-----G-
225	GB809	4e	---T--C--C-----C--T-----CT---A--T---G-
29	BNL7	4k	-----C--C-----C--T-----CT---A--C---G-
31	BNL8	4k	-----C-----T-----CT---A--C---G-
33	BNL9	4k	---T-----C-----C--T-----CT---A--T---G-
35	BNL10	4k	---TA---C-----Y--T-----Y---A--T---G-
37	BNL11	4k	---Y--C--C-----T-----CT---A--T---G-
39	BNL12	4l	-----C--C-----A-C---A--T---G-
226	BE95	5a	---TT-A--C-----TA---T--T--T---G-
227	HK2	6a	---T--C--C-----T---A--A---G-
228	FR1	9a	---T-----C--T-----CT-A--A---T-A--G-
43	VN4	7c	---T-----C--NN-----N-----N--CT---A--T---G-
47	VN12	7d	---T-----WCT---A--T---G-
51	NE98	10a	---TT-A-----TT--T---A-

12/74

Fig. 1L

SEQ ID		551	600
NO			
208	HCV-1	1a	GCTTGACTGTGCCCCGCTTCGGCCCTACCAAGTGCGCAACTCCACGGGGCTT
209	HCV-J	1b	-T-----CA-C--A-----C--T---G-G-----GTGT-C---A-A
210	HC-G9	1c	--C-----A-C--T-----GT-GG-----TT-----G-G
3	BNL1	1d	-----G--T-AA-KA-C--TC--G-G-----G-AT-C---G-G
7	BNL2	1d	-----G--T-AA--A-C--TC-TG-G-----G-AT-C---G-A
11	FR2	1f	--C-C--A--C--A-C--T-----TG-G---A--G-A-A--C-ATGGC
211	HC-J6	2a	--A-C--CACC--G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
212	HC-J8	2b	--G-C--A-----A-TG--T--AGTGG---CA-G---ATT-GTTCTAGC
213	S83	2c	--A-CT-----A-T--C--GTGG-G--CAAGG--A--GGC-ACTCC
214	NE92	2d	-TA-C-----G-TC--C-G--TG--G--CAAG---A--GCA-CTC-
15	BNL3	2e	-TG-C--C-----T-TC--T-N-GTTG-G--CAAA--TA--GTCA-GCC
17	FR4	2f	-TA-C--C-----TG--T--ATA--G--TAAG---AA--GCCACT-C
19	BNL4	2g	-TG-C--C-----T-TC--T--GTG--G--TAAG---A--GTACCA-G
23	BNL5	2h	-TC-C-----G--G--C--TGTG--G--CAAG---A--GCCACTC-
25	BNL6	2i	--A-C--C-----G-TC--T--GTG-----TGCG--CG--GT--TTC-
215	NZL1	3a	----A-T-CAT--A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
216	HCV-TR	3b	-----TGC-----G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
217	NE48	3c	----GTCTGT--T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
218	NE274	3d	----GTCTGT--T--G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
219	NE145	3e	----CT-TGC--T--AGTC-GG-TGG-G--T-----G-AT-C--T--C
220	NE125	3f	----GT-TCC-----AG---GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A
221	Z4	4a	--C-C-----T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT----CA-C
222	Z1	4b	--C-----AACA--A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT----CG-C
223	GB358	4c	--C-----T-----A-C-----GT-A-CTAT-----TG--T----CA-C
224	DK13	4d	--C-----T-----A-CTAT-----AG-T----TG-C
225	GB809	4e	--C-C-----T-----G-----G-GTTA-CTAT-----TG-TT----CG--
29	BNL7	4k	--C-----C-----AT-A-CTAT-----TGT-T----CA--
31	BNL8	4k	--C-----T-----ATTA-CTAC-----A--T----CA-C
33	BNL9	4k	--C-----C-----ATTA-CTAC-A-----A--T----CA-C
35	BNL10	4k	-TC-----C-----ACTA-CTAT-----GT-T----CA-C
37	BNL11	4k	--C-----C-----AC-A-CTAC-----TGT-T----CA--
39	BNL12	4l	--C-----C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T----CA--
226	BE95	5a	-TC----C--T--G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--
227	HK2	6a	--C-C--AAC---A-----TCTTACCTACG-----GT-----A
228	FR1	9a	--C-C---ACA--A--C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C
43	VN4	7c	--C-T--AACA--A--C--C--GGCG--TTATAC---AAGT-T--C--G
47	VN12	7d	--C-C--CAC---T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G
51	NE98	10a	-----CT-ACA---A-AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C

13/74

**Fig. 1M**

SEQ ID	NO	601	650
208	HCV-1	1a TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC	
209	HCV-J	1b -----T-----G--C--C---T-C-----A-----T-----A--	
210	HC-G9	1c -----T-----C---TG--TCCG-----A---A	
3	BNL1	1d --T--T-----C--C---TT-C-----C--CA-C--T---AT--A	
7	BNL2	1d --T--TC-----C---TT-C-----C--CA-C--T---AT-AG	
11	FR2	1f -----T-----T-----C---TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA	
211	HC-J6	2a ---ATG--G-----C--C---A-C---TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA	
212	HC-J8	2b ---T---C---T-----T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-	
213	S83	2c ---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A	
214	NE92	2d ---ATG--A-----C---AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG	
15	BNL3	2e --TATG-CA-----C--C---T-C---AAC--C--C--A-GGC-ATT--N	
17	FR4	2f ---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG	
19	BNL4	2g ---ATG-CA-----C---TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA	
23	BNL5	2h --TATG--G-----T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA	
25	BNL6	2i ---ATG--G-----T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A	
215	NZL1	3a ---GT-C-T-----C--C---TT-C---TAGC-----T-----C-A	
216	HCV-TR	3b --TGTGC-T-----C--C---T---TGG--C-----C-A	
217	NE48	3c ---ATAC-----C---TT-G---AGC--C--A-----T-----C-A	
218	NE274	3d ---GTGC-----C--C---T-----GGC-----C-----T-----CC-	
219	NE145	3e ---ATGC-----C--T-A---AGC--C--A--A--T-----A	
220	NE125	3f ---ATAC-T-----C--C---T-----AGC--C--C-----T-----T-A	
221	Z4	4a --T--A-----T--G--T--C-----A--C--T--A--T-A	
222	Z1	4b --T--T-----A-C--C--A-----A--A	
223	GB358	4c --T--A-----C-----G-----C--A-----A-C-A	
224	DK13	4d -----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A	
225	GB809	4e --T--A-----C--C-----G--TG---C--A-----A-C-A	
29	BNL7	4k ---T-T-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
31	BNL8	4k -----C-----G-----C--A--T--T-----C-A	
33	BNL9	4k --T--TA-----C--C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
35	BNL10	4k -----T-----C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
37	BNL11	4k -----T-----C-----G--T--A--C--A-----TT-----C-A	
39	BNL12	4l -----C--C-----G-----C--C--A-----T--T-C-A	
226	BE95	5a --T--T--T-----A-----TTCC--A--C--T-----A-A	
227	HK2	6a -----TC----A-----C-----C--C--C---CTG-----A	
228	FR1	9a -----TC-T-----C---T-G---AAC--C--C--T-TT-----A	
43	VN4	7c -----TC-----C--C-----C---AGC--C--C--T--T-----A	
47	VN12	7d --T--TC-A-----C-----C---TAGC--C-----T-----AA	
51	NE98	10a ---ATG--A--T--C--C---AG---GGT-----C-----T-----C-G	

14/74

Fig. 1N

SEQ ID	NO	651	700
208	HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTGCGTCCCTTGCGTTTCGTGAGGGCA
209	HCV-J	1b	G--CATG---A-----C--C-----G--C-----C--G---A-T-
210	HC-G9	1c	GA-CCTG---A-----TCTG--C-----T--G--C-A---A--C-----
3	BNL1	1d	--G-ATG---A-----TAC--A-----G--C-----G---AT-
7	BNL2	1d	T-G-ATG---T-----G-C--A-----T--G--C-----G---AA--
11	FR2	1f	G--CAT-----T-----G--T-----N--G--C---A-A--G--A----
211	HC-J6	2a	G-C---TG---C---GTC--C-----G---AGAAA-T---G-
212	HC-J8	2b	T--C--AG-T--C--TCT--T--A-----A--T-AGAA---TAATG
213	S83	2c	A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----T-AG---ACC-C--
214	NE92	2d	G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----
15	BNL3	2e	G--C--GG-G--T--TGT--T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G
17	FR4	2f	G--C--GG-G--C--TGT--T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-
19	BNL4	2g	G-GC--GG-G--T--TGT--T--A--T-----G--T-AGTTGC-----
23	BNL5	2h	G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-
25	BNL6	2i	G--G---G---T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--
215	NZL1	3a	T---T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C----
216	HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAAACC----
217	NE48	3c	-C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-
218	NE274	3d	T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA-----
219	NE145	3e	A---TG-----TG--T--T---T--C-----G-AGA-C----
220	NE125	3f	TA---T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-
221	Z4	4a	-C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-
222	Z1	4b	GC-CCA---A---TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-
223	GB358	4c	GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-
224	DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-
225	GB809	4e	-A--CA---T-A---CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-
29	BNL7	4k	-C--CA---T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-
31	BNL8	4k	-C-CCA---T-----CT--A--T-----G--C-----GA-AACT--G-
33	BNL9	4k	-C--CA---T-----TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
35	BNL10	4k	-C--CA---T-AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
37	BNL11	4k	-C--CA---T-----CT--A--A-----G--C-----GAAA-----A-
39	BNL12	4l	-C--CA---T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-
226	BE95	5a	TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-
227	HK2	6a	T-C-ATG---T-----TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG
228	FR1	9a	GACCATG--A-----TCT--A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-
43	VN4	7c	GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--
47	VN12	7d	T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC-----
51	NE98	10a	G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT-----

15/74

**Fig. 10**

SEQ ID		701	750
NO			
208	HCV-1	1a	ACGCCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT
209	HCV-J	1b	-TTT---CC-T--C-----A---C-C--T--C---C-C--GG-----A-C
210	HC-G9	1c	-----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----
3	BNL1	1d	--CATCTCC-C--C---A---C-C---C---C-T--GGT--AAA-Y
7	BNL2	1d	--T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C
11	FR2	1f	-TAT---CC-T--C-----AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC
211	HC-J6	2a	-TA-A--TC-----C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G
212	HC-J8	2b	G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AA-C-C
213	S83	2c	---T---TC-A-----C--G-TG---C-ATC-C---TA--TC-A
214	NE92	2d	--ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A
15	BNL3	2e	GTCGG-TCCAC-----A-CC---CT-G--C-ACA-A---GTG--CA-A
17	FR4	2f	-TAGGA-CTTC-----ACA--G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA
19	BNL4	2g	-TAAG--CC-----C--A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G
23	BNL5	2h	-TCAG--TC-C--C---A-AC-TG---A--C-AT-----GTG--CC-A
25	BNL6	2i	--A---CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A
215	NZL1	3a	-TA-A--T-C--C---ACCC-AG---A-----A-----AGT----T-C
216	HCV-TR	3b	--CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC
217	NE48	3c	--A--A---C---C---A-AC--G-----T--G--A-----GGT---TC-C
218	NE274	3d	--T-----CAA-C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C
219	NE145	3e	--A-A---GA--C---ACCC--GC---A--A-----AGT---AT-C
220	NE125	3f	--CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--
221	Z4	4a	--A-A---C-T--C---AC-C--G---G---A-----TGT-GCAC-C
222	Z1	4b	-TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--
223	GB358	4c	-TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C
224	DK13	4d	--AAG--T-CA--C-----T-TC-C---C--C-----TG-GCAAC--
225	GB809	4e	--CAG--C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C
29	BNL7	4k	-TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
31	BNL8	4k	-TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C
33	BNL9	4k	-TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C
35	BNL10	4k	--CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
37	BNL11	4k	-TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
39	BNL12	4l	--A-T---C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA
226	BE95	5a	-T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC
227	HK2	6a	-TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--
228	FR1	9a	-T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT----C--CT-A---GT-CCCA-C
43	VN4	7c	-TCAA--CC----C-----CA-GCCT----G--CC----AGTGCC-A-C
47	VN12	7d	--CTGA-C-A-----C--T--GCCT----G--AT----GGTGCA-A--
51	NE98	10a	-TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG

16/74

Fig. 1P

SEQ ID			751	800
NO				
208	HCV-1	1a	GGCAAAC TCCCCGCGACGCAGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCCG	
209	HCV-J	1b	A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T-----C---T---	
210	HC-G9	1c	TCGCGCG-----TC-GTG--G-----G-----GTG-----CTC-A-----	
3	BNL1	1d	-CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G---CT-----T---	
7	BNL2	1d	-CT--TG-----TA-TG--GCAA-C-----C---TG-----CT-----G---T---	
11	FR2	1f	-CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G-----G-----C--C--C--G---	
211	HC-J6	2a	CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G----GAT	
212	HC-J8	2b	C--GGTGCG-T-A-TCGTAGC--G---ACA---G---CA--A-C--AAT	
213	S83	2c	CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA-----A-CA-C--GAT	
214	NE92	2d	CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C	
15	BNL3	2e	CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C--GAT	
17	FR4	2f	CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T---ACCA-C--GAT	
19	BNL4	2g	CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C--GAT	
23	BNL5	2h	CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C--T-C	
25	BNL6	2i	CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C	
215	NZL1	3a	-T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA---TG-G--C--AT-A--A--	
216	HCV-TR	3b	CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G--A---G--A--	
217	NE48	3c	-T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G--G-G-----G--G--	
218	NE274	3d	-CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA---TG-G-----G--G--	
219	NE145	3e	-CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A---G-G---T---A-----	
220	NE125	3f	CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--	
221	Z4	4a	CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--	
222	Z1	4b	CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--	
223	GB358	4c	AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA---TG-G-----A-G--A--	
224	DK13	4d	CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--	
225	GB809	4e	-T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A--	
29	BNL7	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G--CT--A-G--G--	
31	BNL8	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA---TG-G-----A-G--G--	
33	BNL9	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCCT-G--GA---TG-G-----A-G--G--	
35	BNL10	4k	AC-GCGGCG--GCTTGA-TCC--G--GA---TG-G-----A-G--G--	
37	BNL11	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G--G--A-G--G--	
39	BNL12	4l	CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--	
226	BE95	5a	CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--	
227	HK2	6a	-CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T----CG--	
228	FR1	9a	TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C--A---G-A--C--C--C--T--	
43	VN4	7c	-CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G--	
47	VN12	7d	-CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG--G-G--C--CT-G--G--	
51	NE98	10a	CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG--G-G--A--A-G--G--	



17/74

Fig. 1Q

SEQ ID	NO		801	850
208	HCV-1	1a	GAGCGCCACCCTCTGTTCGGCCCTCTACGTGGGGGACCTATGCGGGTCTG	
209	HCV-J	1b	-GCG--TG-T-----C--TA-G-----T-----A--C-	
210	HC-G9	1c	-GC---TG-GT-----TA-G--T--A-----C--CA	
3	BNL1	1d	-G-NN---GT-----C--TA-G-----R-----T-----	
7	BNL2	1d	--CA--G-GT-TC----C--TA-G-----C-----A--C-	
11	FR2	1f	-GCA---GTGT----C--A---A-G---A-T-----T--T---GGC-	
211	HC-J6	2a	-TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-	
212	HC-J8	2b	-GCA--T--GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-	
213	S83	2c	-TCT--T--GG-----T-----T--T-----G-G--T--CG-GC	
214	NE92	2d	ATC---T--GT-T--C--T-----G---A-A--A-----G--T--CG-G-	
15	BNL3	2e	-TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-	
17	FR4	2f	-TC-----C--T-----A--A-A-----CG--	
19	BNL4	2g	-GT---T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-	
23	BNL5	2h	-TCT--T--G---C--A--TT-G--T-----C---T-C-----CG-A-	
25	BNL6	2i	-TC-----GT---C--T---T-G--T-----	
215	NZL1	3a	CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T---G---	
216	HCV-TR	3b	CGCACGACAA--G-----G--G---C-----GCT-T---G---	
217	NE48	3c	T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----G-A-	
218	NE274	3d	AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-	
219	NE145	3e	C--T-----T--G--C--C--G---T--C--T-----T-----G-C-	
220	NE125	3f	TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G---	
221	Z4	4a	CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--	
222	Z1	4b	TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-	
223	GB358	4c	TGC---T--TGCG--C--C--T--T---A-C--A---G-----TGGC-	
224	DK13	4d	CG-----T-----C--C-----A-C--A--G-G--T--GG--	
225	GB809	4e	TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT	
29	BNL7	4k	-GC-----TG-T-----A-----T---A-C-----TT-R--T--YGGCT	
31	BNL8	4k	-GCT-----TG-T--C--A-----T---A-C-----TT-G--T--CGGCT	
33	BNL9	4k	-GCG-----TG-----A-----T---A-C-----TT-G--T--CGG--	
35	BNL10	4k	AGCT-----TG-T-----A-----T---A-C-----YT-G--T--CGGCT	
37	BNL11	4k	-GCT-----TG-T-----A-----T---A-C-----T--G-----TGGCT	
39	BNL12	4l	TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--	
226	BE95	5a	AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A--GCG--T---G-AC	
227	HK2	6a	CGC---AGTGG-T--C--AT---G---A-C-----G--T--C---C	
228	FR1	9a	-GCA--GG-AT-T-----A-G---A-C--A-----C--T--TAGCA	
43	VN4	7c	CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC	
47	VN12	7a	TGCT--TG-GT----C--T---A-G-----C--T-----TGGGC	
51	NE98	10a	RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC	

18/74

Fig. 1R

SEQ ID			851	900
NO				
208	HCV-1	1a	TCTTTCTTGTCGGCCAACTGTTCACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG	
209	HCV-J	1b	-T-----C---TC-----G-----A---TC-C---GT-TGA----	
210	HC-G9	1c	---C-----T-----GA-C-----A---T-----	
3	BNL1	1d	---C-C-CT---G-A-----T-A---C-CATG---CAT--A	
7	BNL2	1d	---C-----G-A-----T-A---C-CTTGT---CAT--A	
11	FR2	1f	---C-C-T-G---T-----A-GT-C---G---T-----	
211	HC-J6	2a	-GA-G---CA-C---GA-----TTG---G--ACA--A-----TTT	
212	HC-J8	2b	-GA-GA--C-ATCG--GGCT---TGG-A--A--ACAA-----AACTTC	
213	S83	2c	-GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A---TAC-TTT	
214	NE92	2d	-GA-GT-G-CTTCT---G-C---T-A---G---CA--AT--TAA-TTT	
15	BNL3	2e	-GA-GA-A-CT-CA--GGCT---T-G-GG-A--G-A-----T-ACTTC	
17	FR4	2f	-GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A--GCAATA---TACTTTT	
19	BNL4	2g	-GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG---G--GCAA-AT---AACTTT	
23	BNL5	2h	-GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C--TCA--A---ATCTTC	
215	NZL1	3a	-----C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---	
216	HCV-TR	3b	-G-----G--A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C	
217	NE48	3c	-T--C--C--A--A---GCA-----A--AGA--C-A-----CA--A	
218	NE274	3d	---CT-G--G--A---GGCT---AGA--TC-T-AG---AAC---	
219	NE145	3e	---C-----G--G---GGCC--T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T	
220	NE125	3f	-T--C-----G-----GC-----T--AGAG-TC---AA--T-AT--C	
221	Z4	4a	C---C--GA-G--G--GA--A---T--TCGG--GC-T-----C	
222	Z1	4b	---C--A--G-----G-----GA---CGA--GC-C--G-----C	
223	GB358	4c	-A---T-G--T--T--GA-----T-T--CAG--GC-----T	
224	DK13	4d	-G--CT-G-----T-----CAA--TC-C-----C	
225	GB809	4e	-A--CT-G--A-----A-----CAA--GC-A-----	
29	BNL7	4k	-G--C--A-----T--GA-----T-T--CGA--A-----T	
31	BNL8	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----TT-T--CGA--AC-A-----T	
33	BNL9	4k	CG--CT-G--T--T--GA-----T-T--CGA--AC-----C	
35	BNL10	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----T-T--YCAG--TC-----T	
37	BNL11	4k	-G--C--G--T--T--GA-----T-T--CGA--AC-----T	
39	BNL12	4l	C---C--A--G--G--GA-----CAG--GC-T-----T	
226	BE95	5a	-A--CT-G--A-----A-----ATAGG--TC-C-AG---GCT---	
227	HK2	6a	-----T-G-CG--A-----A-----TCAG---C-C--T--T-----T	
228	FR1	9a	-AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT	
43	VN4	7c	-T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT	
47	VN12	7d	-----C--T--G--GT-----G---AGA-----ATGT-TGA--TC	
51	NE98	10a	-A-----Y--G--GGG---T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T	

19/74

Fig. 1S

SEQ ID		901	950
NO			
208	HCV-1	1a	ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG
209	HCV-J	1b	GTA-----A-----A-----CG--T-A-----
210	HC-G9	1c	-----AC-----C-----C--A-----G-G--A-----T--
3	BNL1	1d	-----G-AG-----C-----A---
7	BNL2	1d	--A--G-AG-----C-----A---
11	FR2	1f	GT---G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C-----C-----
211	HC-J6	2a	GT-----AC-----C-----C--T--TACC--C--T--A-----
212	HC-J8	2b	--C---AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--C--T--
213	S83	2c	GTC--G-AA-----C--T--C--A--C--G---GC--T-----A-----
214	NE92	2d	GTC--G-AC-----C--T--C--A--C--A-----C--C--T--A--T--
15	BNL3	2e	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--T--A-----T--
17	FR4	2f	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--A--A--T--
19	BNL4	2g	T-C--G-A-----T--C---
23	BNL5	2h	GTC--G-A-----C-----G--A
215	NZL1	3a	GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A-----C-TT-A--A--T--
216	HCV-TR	3b	GT---GACG-----C-----G--A--C--A-----G-TT-A--A--T--
217	NE48	3c	GTT--GCA-----C-----AC-G--C--A--T---G-TT-A-----T--
218	NE274	3d	GT---GACC-----AC-G--C--T--T--C---T-A--A--A--
219	NE145	3e	GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A-----C--A--A--T--
220	NE125	3f	GTC--GTTG-----AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T-A
221	Z4	4a	-----G-AG-----T--C-----CA-T-----C--C--C---A--
222	Z1	4b	--C--G-A-----C-----C-----T--T--CG-CT---C---A--
223	GB358	4c	-----G-AC-----T-----CG-G--G--CG-T-----C---A--
224	DK13	4d	--C---AC-----T--C-----CA-A--A-----C--A--A--A--
225	GB809	4e	--C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--
29	BNL7	4k	--T-----A-----T--C---
31	BNL8	4k	G-C--G-A-----T-----
33	BNL9	4k	--C---A-----C-----C---
35	BNL10	4k	--C--G-A-----T--C---
37	BNL11	4k	--C--G-AA-----T--C---
39	BNL12	4l	GTC---AC-----C--T--C---
226	BE95	5a	GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT-----G-T--C--C-----
227	HK2	6a	GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C--C--C---A--
228	FR1	9a	--C--G-A--T--C-----NA-CN-T-----CG-C-----A--A--
43	VN4	7c	GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----
47	VN12	7d	G-C--G-AC-----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----
51	NE98	10a	GTC--G-AC-----C--T--C---

20/74

**Fig. 1T**

SEQ ID			951	957
NO				
208	HCV-1	1a	CATGGCA	
209	HCV-J	1b	-----T	
210	HC-G9	1c	A-----T	
11	FR2	1f	NNNNNNN	
211	HC-J6	2a	-----G	
212	HC-J8	2b	-----	
213	S83	2c	-----T	
214	NE92	2d	G-----G	
15	BNL3	2e	-----G	
17	FR4	2f	A----NN	
215	NZL1	3a	A-----T	
216	HCV-TR	3b	T-----G	
217	NE48	3c	G-----T	
218	NE274	3d	G-----T	
219	NE145	3e	-----	
220	NE125	3f	T-----T	
221	Z4	4a	G-----G	
222	Z1	4b	G-----C	
223	GB358	4c	G-----	
224	DK13	4d	A-----T	
225	GB809	4e	G-----T	
226	BE95	5a	G-----	
227	HK2	6a	G-----T	
228	FR1	9a	G-----	
43	VN4	7c	A-----	
47	VN12	7d	G-----G	

21/74

**Fig. 2A**

SEQ ID			1	50
NO				
229	HCV1	1a	MSTNPKPQKKNKRNRTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	
230	HCV-J	1b	-----R-T-----	
2	BNL1	1d	-----R-T-----XXXXX-----X-----	
6	BNL2	1d	-----R-T-----X-----	
10	CAM1078	1e	-----R-T-----V-----A-----	
12	FR2	1f	-----R-T-----	
231	HCJ6	2a	-----R-T-----	
232	HCJ8	2b	-----R-T-----	
233	CH610	2c	-----R-T-----	
234	NE92	2d	-----R-T-----	
14	BNL3	2e	-----R-T-----	
18	FR4	2f	-----R-T-----P-----	
235	HCVTR	3b	---L---RQT---L---N-----V-----V-----	
236	DK13	4d	-----R-T-----M-----	
237	CAM600	4e	-----R-T-----M-----	
238	GB809	4e	-----L-R-T-----M-----	
28	BNL7	4k	-----R-T-----M-----	
239	BE95	5a	-----R-T-----M-----	
240	HK2	6a	---L---R-T-----T-----	
42	FR1	9a	---L---R-T-----M-----	
44	VN4	7c	---L---R-T-----I-----	
46	VN13	7a	---L---R-T-----	
48	VN12	7d	---L---R-T-----M-----	
50	NE98	10a	---L---R-T-----X-----V-----Q-----V-----	

22/74

**Fig. 2B**

SEQ ID	NO		51	100
229	HCV1	1a	KT SERSQPRGRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP	
230	HCV-J	1b	-----M-----	
2	BNL1	1d	-----X-X--S-----X-----	
6	BNL2	1d	-----D-----QSD-XX--H-----	
10	CAM1078	1e	-----E-----	
12	FR2	1f	-----S-----A-----	
231	HCV6	2a	-----D--ST-KS-GK-----L-----	
232	HCV8	2b	-----D--ST-KS-GK-----	
233	CH610	2c	-----D--TT-KS-GR-----L-----	
234	NE92	2d	-----D--T-KS-GK-----L-----	
14	BNL3	2e	-----D-XAT--S-GR-----L-----	
18	FR4	2f	-----D-AT-KS-GR-----L-----	
235	HCVTR	3b	-----KQ-HL-----SR--S-----K--L-----	
236	DK13	4d	-----QL--S-----	
237	CAM600	4e	-----T--S-----	
238	GB809	4e	-----S--S-----	
28	BNL7	4k	-----S--S-----X-----	
239	BE95	5a	-----Q-T--S-G-----A--L-----	
240	HK2	6a	-----Q-Q--H-----	
42	FR1	9a	-----V-Q-T--S-G-----	
44	VN4	7c	-----V-HQT-----	
46	VN13	7a	-----V-HQT-----	
48	VN12	7d	-----A-----V-QNQ-----	
50	NE98	10a	-----S-----R--T--S-----	

23/74

Fig. 2C

SEQ ID	NO		101	150
229	HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA	
230	HCV-J	1b	-----	
2	BNL1	1d	-----N----	
6	BNL2	1d	-----	
12	FR2	1f	-----N-----S-T	
231	HC-J6	2a	-----N--H--V-----V-----V--	
232	HC-J8	2b	-----T-----H-----R-----I-----V-----V--V--	
233	CH610	2c	-----H-----V-----V--V--	
234	NE92	2d	-----H-----V-----V--V--	
14	BNL3	2e	-----XX-----X-V-----V--X--	
18	FR4	2f	-----N--H-----X-----V-----V--V--	
235	HCV-TR	3b	-----N-----F-----V--V--	
241	GB116	4c	-----V--V--	
236	DK13	4d	-----N-----V-----V--V--	
237	CAM600	4e	-X--X--N--X-----V--V--	
238	GB809	4e	-----N-----V--V--	
242	G22	4f	-----V--V--	
243	GB549	4g	-----V--V--	
244	GB438	4h	-----V--V--	
28	BNL7	4k	-----N-----	
239	BE95	5a	-----N--N--K-----G-I--V--	
240	HK2	6a	-----H--N-----V-----V-A-	
42	FR1	9a	-----N--N-----XXL-----VL-G----V-A-	
44	VN4	7c	-----N--N-----V-----X--V-X-	
46	VN13	7a	X-----N--N--X-----XX-----IE--	
48	VN12	7d	-----D-X-N--X-----E--V-----V-AE	
50	NE98	10a	-----N-----	

24/74

Fig. 2D

SEQ ID			151	200
NO			LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL	
229	HCV1	1a		
230	HCV-J	1b	-----I-----E---VS-I	
2	BNL1	1d	-----XT-HE---AS-V	
6	BNL2	1d	-----F-----TT-HE---AS-V	
12	FR2	1f	-X-----XG--XXXXX--X--XX--X-----T---E-HST-DG	
231	HC-J6	2a	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG	
232	HC-J8	2b	-----I-----V--V--VE---ISSS	
233	CH610	2c	-----I-----S---IS--V--VE-K-TSTS	
234	NE92	2d	-----I-----I--V-GL--K-TSSS	
14	BNL3	2e	--X-----I--X-----X-----V--V-XVE-K-TSQA	
18	FR4	2f	-----I-----I--V--I--K-NSHF	
20	BNL4	2g	-----V--V--V--K-TSTM	
24	BNL5	2h	--I-----V--K-TSHS	
26	BNL6	2i	--I-----I--V--V--A-RS-S	
235	HCV-TR	3b	-----A-G-----F---C---GLEYT-TS--	
241	GB116	4c	-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V	
236	DK13	4d	-----L-----NY---S-V	
237	CAM600	4e	-----AV---I-----T--VNY--AS-I	
238	GB809	4e	-----AV---I-----GVNY--AS-V	
242	G22	4f	-----AV---I-----VHYH-TS-I	
243	GB549	4g	-----AV---I-----QHY--IS-I	
244	GB438	4h	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I	
30	BNL7	4k	--I-F-----INY--VS-I	
32	BNL8	4k	--I-----INY--TS-I	
34	BNL9	4k	--I-----INYH-TS-I	
245	BNL9	4k	--I-----I--X--X-----TNY--VS-I	
36	BNL10	4k	--I-----X-----TNY--VS-I	
38	BNL11	4l	--I-----I-----QHY--VS-I	
239	BE95	5a	-----I-----VPY--AS-I	
240	HK2	6a	-----AI---I-----T---LTYG--S--	
42	FR1	9a	-----AI-----T---I--K-AS-I	
44	VN4	7c	-----XXI--X-----X--XX-X--X-----T---AHYT-KS--	
48	VN12	7d	-X-----AI---I-----X-----T---LNYA-KS--	
52	NE98	10a	--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--	



25/74

Fig. 2E

SEQ ID	NO		201	250
229	HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD	
230	HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N	
2	BNL1	1d	-----S---I---MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX	
6	BNL2	1d	--L---S---I---MSGM---A-----N-S---MXL---L-VK-	
12	FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I---I-----PL---L-A-I	
231	HC-J6	2a	-M-----T-D---TWQLQA-V--V-----EKV--T---IPVS-N--VQQ	
232	HC-J8	2b	-YA-----S-N---TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKH	
233	CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q	
234	NE92	2d	-M-----Q-----WQLR--V--V-----EEK--I---IPVS-NI-VSQ	
14	BNL3	2e	-MA-----S-N---WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK	
18	FR4	2f	-MA-----A-D---WQLR--V--V-----E-S---RTF--T-VS-N--VSR	
20	BNL4	2g	-MA-----S-N---IWQMQG-V--V-----ELQ--K---IPV--N--VNQ	
24	BNL5	2h	-M-----S-----WQLK--V--V-----E-HQ-Q---IPV--N--VSQ	
26	BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE-V--V-----EWKD-T---IPV--NI-VSQ	
235	HCVTR	3b	-VL-----S-G-----E-V---L-----TT--Q-S---TTVST---V-T	
241	GB116	4c	--I-----D-YH---L---L---V--Q-----L-----APY	
236	DK13	4d	-----TDYH---L-----K-T---SL-----AQH	
237	CAM600	4e	--I-----A-----TENH---L-----T--Q-----L-----SPY	
238	GB809	4e	--I-----A-----TDNH---L-----KT--Q-----L-----SPY	
242	G22	4f	--L-----F---VHH---L-----T--Q-----L---L-APY	
243	GB549	4g	-----DHH-M-L-----T--T-----PL-----APY	
244	GB438	4h	-----DHH-M-L-----T--V---IPL-----VPY	
30	BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY	
32	BNL8	4k	-----DHH---L-----T--Q-----L-----APY	
34	BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V--Q-S---L---I-APY	
245	BNL9	4k	-----DHH--AL-----V--Q-----L-----APY	
36	BNL10	4k	-----F---DHH---L-----K---H-----L-----APY	
38	BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T-----L-----API	
246	GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T--V---TPV-----AVS	
239	BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS	
240	HK2	6a	--L-----L---DAM---L---L---VDDR-T--H-V---L-IPN	
42	FR1	9a	--L-----S-N---F---ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN	
44	VN4	7c	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN	
48	VN12	7d	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN	
52	NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T-----IPVSX---VKS	

26/74

Fig. 2F

SEQ ID	NO		251	300
229	HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCSVFLVGQLFTFSPRRHWT	
230	HCV-J	1b	SSI-T-TI---V---A-A---M-----S-----YE-	
2	BNL1	1d	ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X-----A-----M-H-	
6	BNL2	1d	ANV-TAAI---V-----T-AFR--M-----LYH-	
12	FR2	1f	ANA-IDEV---V-----A-VF---M-I-----G-----TS-----	
231	HC-J6	2a	PGALTQG--T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
232	HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
233	CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
234	NE92	2d	PGALTKG--T---TIIA--F-----I---A-M-AS-V-II--QH-KF	
14	BNL3	2e	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
18	FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I---A-MIAA-VAVV--QY-TF	
20	BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
24	BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A---V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
26	BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A---F-----	
235	HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A---R---T-	
241	GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I---G-----M-S-Q-----	
236	DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----	
237	CAM600	4e	AGA-LEP---V--M--A--M-----I---GL-----M--Q-----	
238	GB809	4e	VGA-LEP---V--M--A--V-----GL-----M--Q-----	
242	G22	4f	LGA-LESM---V--M--T-----GI--A--M--R--L---	
243	GB549	4g	VGA-LESM---V--M--A--V-----I---G-----M--R-----	
244	GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----	
30	BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
32	BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I---GL-----M-S-R-----	
34	BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I---GA-----M-S-R-----	
245	BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I-X---GL-----M-SXQ-----	
36	BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I---GL-----M-S-R-----	
38	BNL11	4l	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M--Q-----	
246	GB724	4x	VDA-LESF---V--M--A-----V-----GA-----M--Q-----	
239	BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
240	HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
42	FR1	9a	SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV	
44	VN4	7c	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV	
48	VN12	7d	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI	
52	NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

27/74

**Fig. 2G**

SEQ ID	NO		301	319
229	HCV-1	1a	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
230	HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
2	BNL1	1d	--E-----	
6	BNL2	1d	--E-----	
12	FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
231	HC-J6	2a	V-D-----T-----	
232	HC-J8	2b	--E-----Q-----	
233	CH610	2c	V-E-----X	
234	NE92	2d	V-D-----	
14	BNL3	2e	V-E-----	
18	FR4	2f	V-E-----X	
20	BNL4	2g	S-D-----	
24	BNL5	2h	V-D-----	
235	HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
241	GB116	4c	--D-----A--V-----	
236	DK13	4d	--D-----T-----	
237	CAM600	4e	--D-----T-----	
238	GB809	4e	--D-----A-----	
242	G22	4f	--E-----T-----	
243	GB549	4g	--D-----D-----	
244	GB438	4h	--D-----V-----	
30	BNL7	4k	--D-----	
32	BNL8	4k	A-D-----	
34	BNL9	4k	--D-----	
245	BNL9	4k	--D-----	
36	BNL10	4k	--E-----	
38	BNL11	4l	V-D-----	
246	GB724	4x	--D-----T-----	
239	BE95	5a	V-N-----S--V-----	
240	HK2	6a	V-D-----T--V-----	
42	FR1	9a	--D-----XNX--V-----	
44	VN4	7c	V-E-----T-----	
48	VN12	7d	A-D-----A-----	
52	NE98	10a	V-D-----	

28/74

Fig.3A

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)  
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN  
NNNNNNCCGGGTGGCGGTGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGNNG  
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTACCAACCTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC  
AAGGCTCGYCCGYCCGAGGGCAGGTCTTGGGCTCAGCCCGGTATCCTTGGCCCTCTATGGCAAT  
GAGGGCTGCGGTGGGCGGGNTGGCTCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)  
GACGGCGTGAACATATGCAACAGGGAACCTGCCCCGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTG  
CTGTCTCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCAGGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC  
ACCAACGACTGTTCCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG  
TGGGTGCCCTGCGTTCCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGCG  
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTCGACTTGCTTGTGGGGGNNCC  
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGAGACCTTTCGGGGTCTGTCTTCCTCGCTGGCCAGCTATTC  
ACCTTTTACCCCCGCATGCACCATACACGAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)  
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC  
AAGNTCCCGGGTGGTGGTTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG  
GGTGTGCGCGCGACAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCTT  
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCCTCTATGGCAAT  
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCTGTCCCCCGCGGCTCTCGGCCAGTTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)  
GACGGCGTGAACATATGCAACAGGGAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT  
CTGTCTCTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC  
ACCAATGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGACAGCCCCAGGG  
TGTGTGCCCTGCGTTCCGGGAGAACAACTCTTCTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGCG  
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGAGGCCATGTCGACTTGCTGGTTGGGACAGCC  
GCGTTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTTTCGGGATCCGCTCTTCTTGTGGCCAGCTATTC  
ACCTTTTACCCCCGCTTGTACCATAACACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)  
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC  
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGCCCCAGATTG  
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGCAACCTCGTGGGAGGCGCCAACCTATTCCC  
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

29/74

Fig. 3B

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)  
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT  
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG  
GGTGTGCGCGCAGCAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGCGGAAGGC  
GACAGCCTATCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCTGGGTACC  
CATGGCCCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCTCGCG  
GCTCCCGTCTTAGCTGGGGCCCCAATGACCCCCGAGTAGATCACGCAATTGGGTAAGG  
TCATCGATACCCTAACGTGTGGCTTCGCGCATCTCATGGGGTACATTCCGCTCGTGGGCGC  
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCTGNCACATGGTGTCCGGGTCTGGNAGGCGCGGTGATNNN  
NNNNNNNNNAACTTCCNGGTTGCTCTTTNNCTATCTTCTCTGGCNTTACTCTCTGGCTCAC  
AGTCCCCACCTCTGCCTATGAGGTGCACAGCACCAACCGATGGCTACCATGTCACTAATGACTGTT  
CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAGGACATCATCTTCACACGCTGGGTGNGTGCCCTGCAT  
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTTGCTGGGTACCGCTCACCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA  
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACGTCGACCTCCTCGTGGGGGACGCGGTGTTCTGCTCAGC  
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGCGCTCTTCTCGTTGGGCAATTGTTACCTTCACGTCCTCG  
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTACTCTGGCCACATAACGGGCCACCGNN  
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)  
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC  
AAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGATTG  
GGTGTGCGCGCAGCAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCATCCCT  
AAAGATCGNGNGCCACTGGCAGGTCCTGGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCCGTGATGGGAAC  
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)  
ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGGTACATNCCCGTTGTGCGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC  
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGGGGTCTGGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC  
TGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTNGTTGGCTCTTCTGTCTTGTGTACCGTGCCTGTCTCTGNCGT  
TGAGGTCAAAATACAGTCAAGCCCTATATGGCAACCAACGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG  
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTATGTTCTTGGATGTGTCCCTGCGAGAATAGCTCCGGTCCGTT  
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAACCTGGTGTCTCACCAAGGGAAT  
GCGGGCACGCATTGATGCCGTGCTGATGTCCGCCACCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT  
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTTCATCGTGGCACCGAAGCGCCATTACTTCTGCTCA  
GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)  
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAACTAAAAGAAACACTAACCCTCGCCACAGGAC  
GTTAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAG  
GTTGGGTGTGCGCGCGCCAAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC  
ATCCCAAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCTTGGGACGTCCAGGATACCTTGGCCCCCTGT  
ACGGGAACGAGGGCCTCGGCTGGGCGAGGTTGGCTCCTGTCCCCCGGGGCTCTGCCCCCTCGT  
GGGCCAAACGACCCCCGGCACAGGTACGCAACTTGGGTAGGTATCGATACCTTACAGT  
TGGCTTTGSCGACCTCATGGGGTACATACCTGTCTCGGCGCCCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA  
GCCCTCGCGCATGGCGTGCGGGTCTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACCTTGGCCGT  
TGCTCTTTTCTATCTTCTGTGCTCTCTGTCTTGTATCACCGTGGCCGTGTCTGCCATACAG  
GTTAAGAACAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG  
CTCAGGACGCGGTGCTCCATGTTCTTGGATGTGTCTCCCTGTGAGAGGTGAGTAATAGGACCTTC  
TGTGGACAGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGTCTCACTAGAGGTCTGCGG  
GCTCACATTGATAACCATCGTGATGTCCGCCACCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC  
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTCTCACCAGCAATACCATACTTTGTCCAGGAA  
TGCACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGNN

30/74

Fig. 3C

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)  
GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAATCTGCCGTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGTGGCTCTT  
CTGTCTTGTGTACCGGTGCCCTGTCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCA  
ACCAATGACTGTTCACAACACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCCCTGGA  
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCGAGGGCAATAAGTCCCGGTGCTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT  
GTGAACCAAGCCCGGCGCCCTCACTAGGGGCTTGGCGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCCGT  
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC  
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACCTTTCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)  
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGACGTT  
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGGCGCGCAGGGGCCCGGTTG  
GGTGTGCGCGCAGCAGGAGAAACTTCGAACGSTCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCATCCCT  
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAATCCTGGGGACGTCCAGGATACCTTGGCCCCGTGTATGGGAAC  
GAGGGCCCTTGGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)  
GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAATCTGCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGTGGCCTTG  
CTATCCTGTCTCACTGTGCCGCGCTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTG  
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCTTGA  
TGTGTTCCATGTGAGAGGCACCAAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAATGTGGCC  
GTGAGCCAACTGGCGCGCTCACCAGGGGTTTGGCGGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT  
ACCGTCTGCTCAGCTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC  
ATGATCTCCCCCTCAGCACCACATCTTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)  
GACGGGATAAACTATGCAACAGGGAACCTGCCGTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG  
CTTTCTTGCATCACCGTGCCGGTCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCGCAGTGGTTCTTACATGGTG  
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCCGCTTCACGTCCCTGGA  
TGTGTTCCCTGTGAGTGAAGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTCACCCCTAACATCGCT  
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTGTGCGCTCCGCC  
ACGTTCTGCTCTGCCCTTGTATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)  
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCCATGGACGTT  
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGGCGCGCAGGGGCCCGAGTTG  
GGTGTGCGCGGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCGAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC  
AAGGCGCGTCGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCCTTTACGGGTAAT  
GAGGTTTCCGGGTGGGCANNAATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)  
GACGGGATCAATTTTGAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTGGCACTC  
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCAATTTACTATGTC  
ACCAATGATTGCCCAGAAATTAAGCATAGTGATGAGGCGGACCATCACATCTTGCACCTCCCAGGT  
TGGTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCGCA  
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGGTGGGGGCCGCC  
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTTGTGGYGGCTTGTCTTAGTCGGTCAGATGTTT  
TCTTTCCGACCAAGGCGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

*Fig. 3D*

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)  
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTC  
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCACGTC  
ACCAATGACTGCCCCGAACCTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACACATCTTGCACCTTCCAGGT  
TGCCTGCCCTGCGTGAGAATCGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA  
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC  
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT  
TCTTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCAGCATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)  
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT  
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTATCATATC  
ACCAACGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCATCTCCCAGGT  
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAATCAGTCGAGTTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA  
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTTTCGGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCGGCC  
ACTGTTGTTTACGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT  
TCTTTCCGACCACGCGGCCACTGGACCACCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)  
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT  
CTCTCGTGTCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACTAACTATCGCAACGCTCTCGGGCATCTACCATGTC  
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGT  
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAACCAAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA  
GCGCCATACACCGCGCGGCCCTTGAGTCTTTCGGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC  
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT  
TCTTTTCAGCCTCGGCGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)  
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT  
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC  
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGT  
TGCCTGCCCTGCGTGAAAGAGGGAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA  
GCGCCATACATCGGCGCGGCCCTTGAGTCTTACCGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC  
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT  
TCTTTCCGACCACGCGGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 4k)  
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCCTCTTGGCACTT  
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCTCAGCATTATCGGAATGCTCGGGCATTTACCACGTC  
ACCAACGACTGCCCCGAACCTCCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACCGGG  
TGTGTACCCCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTTAAACACCTACCGTGGCC  
GCGCCCATACTTTTCGGCTCCACTTATGTCCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCGAGCT  
ACCCATCTGCTGCCCCTTACGTTGGAGACCTCTGCGGGGGTGCCTTCCCTAGTGGGGCAGATGTTT  
ACCTTCCAGCCCGCTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)  
ATGAGCACACTTCTTAACCTCAAAGAAAAACCAACGAAACACCAACCGTCGCCCCACAGGACGTC  
AAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGTCGCGCAGGGGCCCCCTCGTTT  
GGTGTGCGCGCAGCAGGAAACTTCTGAACGGTCCAGCCAGGGGTAGACGCCAACCTATACCG  
AAGGTGCGTCAACCAACGGGCGGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCCTTTATGGGAAT  
GAGGGTTGTGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTGGGGCCCTAAT  
GACCCCCGGNGGAGGTCCCCGCAACCTGGGTAGGTTCATACCTTACTTGNGGSTTCGCGGAC  
CTCATAGAGTACATTCC

32/74

Fig. 3E

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)  
ATGAGCACACTTCCAAAPACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCATCCGCCGCCACACA  
GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG  
GGGCGCGCGCTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG  
TAGGCGCCAAACCAATACCCAAAGTGGCGCCACCAAACGGGCGGTACCTGGGCCCCAGCCCGG  
GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAATGAGGGCTGTGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC  
CCGCGGCTCTCGCCCAAATTGGGGCCCAAACGACCCCGCGCGAGGTCCCGCAACTTGGG  
TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGGCGCTTCCGCGACCTCATGGGGTATATCCCTGTCTAG  
GCGCTCCGWTGGGAGGCGTCCGCGGNGGCTTGGCGCATGGGGTCANGGNCATCGAGGACGNGTAA  
ATTACGCAACAGNGATCTTCCCGGNGGCTCTNCTCTATCTNCTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC  
TTACAACACCAGCCTCCGCGGCGCATTATACCAACAAGTCTGGCCTGTACCATCTCACCAACGACT  
GCCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCCTTGCCTGGGTGTGTACCTT  
GTGTGAAGRTGRACATCAATCCCGGTGCTGGGTGCAGGCCCTCCCGACCCCTGGCAGTGCCGAACG  
CGTCTACGCCAGTCACCGGTTCCGCAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGT  
CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCTCGTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC  
CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAATGTTTCCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC  
GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)  
ATGAGCACACTTCCAAAPACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAACACAAACCGTCCGCCAATGATGTC  
AAGTTCCCGGGCGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTACCGCGCAGGGGCCACGTTTG  
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGTTCCCGAGGCCAGAGGTAGGCGCCAAACCAATACCC  
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCCCTTTATGGGAAC  
GAGGGCTGCGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGNGCCCAAT  
GACCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAAGTCATCG  
ACACCCCTCACTTGGCGCTTCCGCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCTGTTGGCGCCCCCT  
TGGAGGCGTTGCGGCGGAACCTGGNACATGGTGTGAGGGCCATCGAGGACGGGATAAACTATGCAAC  
AGGGAATCTTCTGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTCGTGCTCACCACGCC  
TGCTTCCGCACTAACTATGCTPACAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG  
CAGCATTGTGTATGAGGCGAATGGCATGATCCTGCTCTCCCGGGTGGCTCCCCCTGCGTGAAGAC  
CGGCAACCTGACCAAGTGTGGCTGTGCGGCTCCCCGACATTGGCGGTGCAGAAATGCGTGGGTGTC  
CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTTCTGCTCTGCCATGTA  
CGTGGGCGACTTATGCGGTGGGCTCTTTCTCGTTGGGCAGTTGTTACGTTTCAGACCCAGGATGTA  
TGAGATCGCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGTCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)  
ATGAGCACACTTCCAAAPACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAATACTAACCGTCCGCCCTATGGAC  
GTCAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGGCGCGCAGGGGCG  
CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCGAGG  
CGCCAGCCCCATACCAAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC  
CCTTGGCCCCCTTTATGGCAACGAGGGGTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGCG  
GGGTCTCGTCTAATTGGGGCCCCAACGACCCCGGGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAG  
GTCAATCGATACCCCTTACATNCGGNCATGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCTAGGAGG  
GCGGCTTGGCGGCGTTGGCGCTGCCCTGGCGCATGGCCTTAGGGCAATCGAGGACGGGTCATTA  
CGCAACAGGGAATCTTCTGTTGCTCCTTTCTATCTTCTCTTACCACTGTTATCGTGCCCTCAC  
TACACAGCCTCAGCAATTCAGTCAAGAAGCCCTTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC  
GAACCAACAGCATCGTTTTTGGGCGGAGACCATGTAATGCTCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT  
CAAGGCGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCTGTCTCCCCACCTTAGCCGTCCCCAATCATC  
AGTGCCCAATCCACGGGTTTCCGCGACAGCTAGACCTCCTCGTTGGGCGAGCGGCATTTTCTCGGC  
CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTACTTTCAGGCCTAA  
GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAATGCTCTATNAACNCTGGCCACGTCACGGGACACAGGAT  
GGCA



33/74

### Fig. 3F

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT  
AAGTTCCAGGCGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACCACGCGAGGGGCCCCAGTTG  
GGTGTGCGTGCAGTGCAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGCAGTAGGCGCCAAACCATCCCC  
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCTCTGGGCTAGCCCGGTACCCTTGCCCCCTATATGGGAAT  
GAGGGCTGCGGGTGGGAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGGGTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)

GACGGAATTAATTTTCGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTCTGGCTTTG  
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGACTCTACATGGTA  
ACTAACSACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC  
TGTGTCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCCGC  
GTGAAGTCGCCCTGCGCGGCCACCGCCTCTCTCCGACGCGACGTGGATATGATGGTGGGRCGGCC  
ACCCATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTGCGGAGGGGTTG  
TCATGCAGACATCGCCAGCATTGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC  
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACATCGGGGGCCCCYCTAACCAATTC  
AAAAGGACAGAAGTGCAGGCTACCGTCCGTGCGCGCCAGCGCGGTGCTGACTACCAGCTGCGGCAA  
CACCCCTGACATGCTACTTGAAGCCAGAGCGGCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGACTGCACCAT  
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTCCGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCGAA  
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC  
YGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACGTCCGGGGCCCCCTAACCAATTC  
AAAGGGGACAGAAGTGCAGGCTATCGTCCGTGCGCGCCAGCGCGGTGCTGACTACCAGCTGCGGCAA  
CACCCCTCACATGCTACTTGAAGCCAGGGCGGCTGTGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT  
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGCGCGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCGAA  
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTGAGGAATCAATCTACCAAGTCTGTGACTTGGCCCC  
CGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTATATCGGGGGTCCCCTAACCAACTC  
AAAAGGGCAGAAGTGCAGGCTACCGTCCGTGCGCGCCAGCGGCGGTGCTGACTACCAGCTGCGGTAA  
TACCCCTCACATGTTACTTGAAGCCAGGGCGGCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACAAAT  
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTGCRRGAGTCGAGGAGGATGCGGCGAA  
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG  
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA  
GATTGGGCGTGCCCCGCAAGACTGCTAGCCAGTAGTGTGGGTGCGGAAAGGCTTG  
TGGTATGCCCTGATAGGGTGTGCGAGTGGCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCAT  
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAACCAAAAGAAACACCAACCGCGCCACAGGA  
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG  
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGAAGACTTCGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAG  
GCGCAACCTATTCCCAAGGAGCGCCAGCCAGGGCAGGTCTGGGCGCAGCCCGGTA  
CCCCTGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGAGGTNGGCTCCTGTCCCCCTG  
CGGCTCCCGTCTTAGTTGGGGTCTACTGACCCCCGGCGTAGGTACGCAATTTGGGTAA  
GGTCATCGATACCCCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

34/74

Fig. 3G

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC  
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTCCGGGGGCCCTTGACCAATTC  
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACAGCTGCGGCAA  
CACCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT  
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCTGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGCGGAG  
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC  
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCTGACAAACTC  
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCGGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTTGACGACTAGCTGCGGCAA  
CACCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT  
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTTGTGCTTATCTGCGAGATCGAGGGGENTCCANGAGGATCCGTCGAN  
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAACCAAACGTAACATC  
AACC CGCGCCACAGGACGTCAAGTTC CGGGCGGTGGCCAGATCGT CGGTGGAGTTTAC  
CTGTTGCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCEACTAGGAAGACTTCCGAGCGG  
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC  
TGGGCTCAGCCCGGGTACCTTTGGCCCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTTGGGCGAGGG  
TGGCTCTGTCCCCCATGGCTCCCGGCTAGTTGGGGCCCTTCAGACCCCGCGGTAGG  
TCGCGTAATTTGGGTAAGGTTCATCGATACCTCACATGCGGCTTCGCGGACCTCATGGGG  
TACATTCGCTCGTCGGCGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC  
CGGATCTACCAAGTCAACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGTATGAGGCGGAAGG  
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG  
CTGGGTACCGTTTTCCCCCAGGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT  
TCGGCGACAGCTCGACTTGCTTGTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG  
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCTCGTTCGCGCAACTGTTACCTTCACAWCCCGCCAGNA  
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTGAGGAGTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC  
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTGCGGGGGCCCTCTACCAACTC  
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA  
CACCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCGCGGCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGAATGCACAAT  
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCTTATCTGTGAGAGTGGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG  
CCTNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTTCCTTACCCGA  
GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG  
CAAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCAGCGGAGTGTCAACCACAGTATGGGGAA  
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT  
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTAGTTGTCTCTCAGAGAGTCAAGGAGTCAAGGAGGACGACCGGA  
CCTGANNNNN

35/74

*Fig. 3H*

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTCACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA  
GCAGGCCCGGACTGCCATACATTCACTTAAGAGAGACTTTACGTGGGAGGGCCCATGATGAACAG  
CAAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGTCAACACCAGTATGGGGAA  
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCCAGCAT  
GCTGGTGTGCGGCATGACCTGCTTGTATCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA  
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCTGCTCCTTACCCGA  
GCAAGCCCGAAGTGCATACATTCACTTAAGAGAGACTTTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG  
CAAAGGGACAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGTCAACACCAGCATGGGGAA  
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCTGCTGCAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCCACGAT  
GCTGGTTTTGTGCGCAGCATCTGGTCACTATCTCAGAGAGTCAGGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA  
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG  
TACACCGGAATTGCCCGGAAGACTGGGTCCCTTTCTTGATAAACCCACTCTATGCCCGGC  
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTG  
TGGTACTGCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGATCAT  
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA  
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGCCNTGCAGGGG  
NCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCAGCCACGTGGGAG  
GCGCCAGCCCCATCCGAAAGATCGGNGCACCACCTGGCAAGTCTGGGACGTCCAGGATA  
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCG  
GGGCTCCCGCCCGTCATGGGGCCCCACGGACCCCGGCATAGGTGCGCAACTTGGGTAA  
GGTCATCGATACCTCACGTNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGGTACATTCCCGTCGTTGG  
CGCCCCAGTAGNGGCGTCCGACAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCTGGAGGACGG  
GATAAATATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT  
TCTGCTCTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGGAAATCAAAAACACCAGMAACACATA  
CATGGTGAATAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNGCGGGTGCT  
TCACGTTCTGGATGCGTCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC  
AGTCACGCCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGCCCTAACCGAGGGTTTGCGATCGCA  
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG  
TGGCGCGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCACTGCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT  
CCAGGACTGTAAGTGTTCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCCTGTTCACTTCCCGA  
GGAGGCCCGAGCTGCCATACACTCACTAAGTGAAGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCCATGCAGAACAG  
CAAGGGGCAATCCTGCGGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCCTAGCATGGGGAA  
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCCGAGCGGCCTGCAGGGCCGCGGGCATTGTTGCCCCACAAT  
GCTGGTGTGTGCGGACGACCTGGTCTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA  
CCTGAGACCT

36/74

*Fig. 3I*

SEQ ID NO. 79 (FR18,21)

CTCAACAGTCCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA  
GGAGGCCCCGACTGTCTACATTCGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG  
CAAAGGCCAGTCCGTGTGGATACAGGCGTTGTGCGGCCAGCGGGGTGTTACCACTAGCATGGGCAA  
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCACAAT  
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTCACTCTCAGAGAGTCAAGGGACCGAGGAGGACGAGCGAA  
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64,3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC  
TTGAGCCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT  
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCGTGTGCGTGTAGCGGTGTTATGCCCCACTAGCT  
ACGGTAATACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTGAGCTGCCGGCCTTCAAGACC  
CATCATTCCCTTGTCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCCGKCTTGATGAGGAGG  
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8,4k)

CTCCACTGTAAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTGTTGACCTGGAGCC  
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGGCCCATGCACAACAG  
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCTCTACACGACCCAGCTTCGGAAA  
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT  
GCTGGTTTGCGGTGACGACTTGGTCGTATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATACCGAGC  
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12,41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC  
CGAAGCCCCGCAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGCTCTATGTGGGCGGGCCCATGTATAACAG  
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGCAGCGGAGTGTACACCACAAGTTTCGGGAA  
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGTACCAGGGCTGCAGGCCCTAAAGACTGCACCAT  
GCTGCTCTGCGGTGACGACTTGGTCGTATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATTCCTCAACC  
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EGE1,4m)

CTCCACCCTAACCAGAAAGGGACATCAGGGTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTGTTGATCTGGAGCC  
AGAGGCCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTACAG  
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCTCTACACCACAGCTTCGGAAA  
CACACTGACCTGCTACCTCAAGGCCACGGCCGTACCAGAGCGGCCGGCTGAAGGATTGCACAAT  
GCTGGTTTGGGGGACGACCTGGTCGTATCGCAGAGAGCGATGGCCTGGACGAGGACCGCCGAGC  
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13,7a)

CTCAACAGTCCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGTGTAAGTTGGAGCC  
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC  
TAAAGGTTCAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCAACCATCCTGSCCA  
TACTCTGACTTGCTACTTGAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT  
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTCTTATTTCGAGAGTTTGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC  
ACTGCGAGCT

37/74

Fig.3J

SEQ ID NO. 91 (VN4,7c)

CTCGACAGTCAACGAGCGGACATCCRCACCGAGCAGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC  
GGTGGCACGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCCCATGATGAATC  
CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCAGGAGCTTGGGCAA  
TACCCTAACATGCTATTTGAAAGCACAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAGCTCAAAAACCTATGACAT  
CTTAGTCTGCGGAGACGATCTAGTCTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC  
CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12,7d)

CTCCTCCGTACGGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC  
GGTAGCACGGAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGGCGGCCCCATGTACAATC  
TCGAGGTCACTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGGCTAGTGGTGTCTTACCACAGCTTGGGCAA  
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACCTTGTACAT  
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC  
CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1,9a)

ATCCACAGTCAACGGGGCGGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCTGCCAGCTCGACCC  
AGAGGCCCCGGAAGCCATAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTGCGGGGGCCCTATGTACAATC  
AAAGGGCCAACTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA  
CACCATCACATGCTTCTGTAAGGCAACCGCGCTTGGCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT  
GTTGGTCTGCGGAGACGATTTGGTTGTCTGTAAGTGTGAGAGTCAACGAGGATATCGCTAA  
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98,10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAATTTCCATCTTTTCAAGGCTGTGACCTCAAGGA  
CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTTCACTCAGGAGCGGCTTTACTGTGGTGGTCTTATGTCAACAG  
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGAA  
CACATCACCTGTTACATCAAGCAAGGAGCTACCAAGCTGCCGGAATTAATAATCCATCAT  
CCTTGTCTGCGGAGATGACTTGGTCTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC  
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14,11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA  
AGAGGCCCCGGAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG  
CAAGGGCCAGGCTTGGCGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA  
CACCATGACTTGTACATCAAGCTAAAGCGGCTTGTAAAGCGGCTGGCATTTGTAGACCCGCTGAT  
GCTCGTGTGCGGTEACGACCTAGTGGTCTATCTCAGAAAGCAAGGGGTGGAGGAGGACCAGCGGA  
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15,11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCCGA  
AGAGGCCCCGGAAGGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG  
CAAAGGCCAGGCTTGGCGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA  
CACCATGACTTGTACATCAAGGCCAARGCAGCTTGTAAAGCYGCTGGCATTTGTGACCCGCTGAT  
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCTATCTCAGAGAGCAAGGGGTAGAGGAGGACCAGCGAGA  
CCTAC

38/74

### Fig. 3K

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)  
CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC  
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCCCTTTCTTGGATTAAACCACTCTATGCCCGGAGATTGGGCGTG  
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCCTGTGGTACTGCCTGATAGGG  
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG  
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCGCCACAGSACGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGT  
TGGCGGGGTGTACTTGTGGCGCGCAGGGGCCCGAGAGTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTC  
GGAGCGGTCCCGAGCCCGTGGGAGGCGCAACCTATCCCCAAGGTTAGGCGCACCAACCGGCCGCTT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)  
CTCTACTGTACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA  
AGAGGCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCGCCGATGGAAAACAG  
CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTCACCACAAGCTTGGGGAA  
CACCATGACTTGTACATCAAAGCCAGGCGGCTTGAAGCCGCTGCCATTGTTGACCCAGTGAT  
GCTCGTGTGCGCGACGACCTAGTGGTCTCATCTCAGAAAGCAAGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA  
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF  
KAXRXEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRENWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)  
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG  
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXXTFCSAMYVXDLCGSVFLAGQLF  
TFSPRMHHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRDRRQPIF  
KARQSDGXWAQPGHPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)  
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG  
CVPCVRENSSRCWMXLPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLCGSVFLVGQLF  
TFSPRLYHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRARAKTSERSQPRGRRQPIF  
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF  
KARRPEGRSWAQPGYPWPPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD  
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPTSAIEVHSTT  
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIIILHTPGXVPCIREGNISRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRRHVDL  
LVGAAVFCSAMYIGDLGGVFLVGQLFTTTSRRHWT  
VQDCNCISIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIF  
KDRXATGRSWGRPGYPWPPLYGNEGLGAGWLLSPRGSRPSWG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)  
TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVFVSVXV  
EVKNTSQAYMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVPGCVPCENSSGRFHCWIPISPNIAVSKPGALTGKL  
RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMLAAQAFIVAPKRHYFVQECNCISIYPGHITGHRMA

39/74

Fig. 3L

SEQ ID NO. 19 (FR4, 2f)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSEERSQPRGRQPIF  
KDRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLTCGFXD  
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNNS  
HFYMATNDNCANDSIVWQLRDAVLHVPVCPCERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGALTRGLRAHIDT  
IVMSATLCSALYIGDLGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCISIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)  
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCSNNSIIVQMCGAVLHVP  
CVPCELOGNKSRWCIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVALCSALYIGDVCGAVMIAAQVV  
IVSPQHNFSDQDCNCISI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAETCARRGKLRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)  
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNNSIIVWQLKDAVLHVP  
CVPCEHQNQSRWCIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF  
MISPOHHIFVQDCNCISI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)  
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNNSIIVWQLEEAHLHVP  
CVPCEWKNQSRWCIPVTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDIIVASATFCSALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)  
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRQPIF  
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)  
DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYVVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP  
CVPCEVREGNQSRCWALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF  
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)  
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP  
CVPCEVRTGNQSRCWALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGLFLVGQMF  
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)  
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP  
CVPCEVRVGNQSSCWALTPTIAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGAFLVGQMF  
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)  
DGINYATGNLPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP  
CVPCEVRVGNQSRCWALTPTVAAPYTAAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGXLCGGLFLVGQMF  
SXQPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)  
DGINYATGXLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLP  
CVPCEVKEGNHRCWALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGLFLVGQMF  
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)  
DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHHILHLP  
CVPCEVKTGNTSRCWALTPTVAAPILSAPLMSVRHVDLMVGAATLSSALYIGDLGGAFLVGQMF  
TFQPRRHWTQDCNCISI

40/74

Fig. 3M

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRRQPI P  
KVRHQGTGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD  
LIEY-

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRRQPI P  
KVRHQGTGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD  
LMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXISIXLLALLSCLTTPASAAHYTNKS  
GLYHLTNDPCNSSIVYEATLILHLPGCVPCVKXNQSRQVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDI  
MVGAAAFCSAMYVGDLCGGFLVGLFTLRPRMHQVVOECNCSTYTGHTGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQARGRRQPI P  
KVRQNGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXRSRNLGKVIDTLTCGFAD  
LMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVR AIEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASALNYANKS  
GLYHLTNDPCNSSIVYEANGMILHLPGCVPCVKTGNLTKCWSASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL  
LVGAAAFCSAMYVGDLCGGFLVGLFTFRPRMYEIAQDCNCSTYAGHTGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRRQPI P  
KVRQPTGRSWGQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLAD  
LMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVR AIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNAS  
GIYHLTNDCSNNSIVFEATMILHLPGCVPCIKAGNESRCWLPVSPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDL  
LVGAAAFCSAMYIGDLCSILVGLFTFRPKYHQVTQDCNC SXNXGHVTGHRMA

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRSRRQPI P  
RARRTEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRR

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLPG  
CVPCVRSGNTSRCWIPVXSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMVXAATLCSALYVGDLCGALFLXGQGF  
SWRHRQHWTVQDCNCST

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN  
TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDL VVICESAGVEEDAANLRA

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN  
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDL VVICESAGVEEDAANLRV

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGFLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN  
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDL VVICESXGVEEDAANLRV



41/74

Fig. 3N

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPARGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPIPKERRPEGRSWAQPYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCKFADLMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIQCCDLHFEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENCYRRCRASGVLTTSCGN  
TLTCYIKALAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVLVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIQCCDLDEARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN  
TLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVLVICEIEGXXEDPSXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPARGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPIPKARRSEGRSWAQPYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPHGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGVARALAQGFRDL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEXSIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN  
TLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVLVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN  
TITCYIKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN  
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGAEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN  
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLLXCRXPRXXXCATXKTXEQSQPRGRRQPIPKDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGLWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXDLMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFISISLLALLSITXPVSAVEIKNTXNTYMTVNDCSNXSITWQLXXAVLHVPGCVPCEREGNSSRCWIPVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDTIVASATFCSALYIGDVCGAIMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCSIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYVLSLPEEARAAHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN  
TLTCYLKAAACRAAGIVAPTMLVCGDDLVLVISESQGTERDENNLRP

42/74

Fig.30

SEQ ID NO. 80 (FR18, 21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMNSKGQSCGYRRCRASGVFTTSMGN  
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVISESQGTEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64, 3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLPSTSYGN  
TITCYIKRAAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8, 4k)

STVTEKDIRVEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN  
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDLVVIAESDGVVEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12, 4l)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGELCGYRRCRASGVYTTSTFGN  
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESGVVEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81, 4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN  
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVVEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13, 7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLTITILAN  
TLTCYLKQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVISESGLVSEDTSALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4, 7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCXGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLTITSLGN  
TLTCYLKQAACRAAKLKNYDMLVCGDDLVVIAESGGVSEDVDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12, 7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN  
TMTCYLKAQAACRAXKLKNFDMLVCGDDLVVIAESGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1, 9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSQOLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLPSTSMGN  
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVVVIESAGVNEIDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98, 10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSLTERLYCGGPMFNSKGQHCGYRRCRASGVLPSTFGN  
TITCYIKAKAATKARGIKNPSFLVCGDDLVVIAESAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14, 11a)

STVTERDIRTEESIYLSQOLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMNSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN  
TMTCYIKAKACKAAGTVDPMVLVCGDDLVVISESKGVEEDQORDLRV

43/74

*Fig. 3P*

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN  
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQORDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRTKRNTNRRPQDVKEFGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRA TRKTSERSQPRGRQPIIP  
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN  
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQORDLRX

44/74

**Fig. 4A** Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	1	50
HCV-1	1a	229	MSTNPKPKQKKNKRNTRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRGPRLGVRATR	
HCV-J	1b	230	-----R-T-----	
BNL1	1d	2	-----R-T-----XXXXX	-X-
BNL2	1d	6	-----R-T-----X	
CAM1078	1e	10/60	-----R-T-----V	-A-
FR2	1f	12	-----R-T-----	
FR16	1g	66	-----R-T--I-----	
HC-J6	2a	231	-----R-T-----	
HC-J8	2b	232	-----R-T-----	
CH610	2c	233	-----R-T-----	
NE92	2d	234	-----R-T-----	
BNL3	2e	14	-----R-T-----	
FR4	2f	18	-----R-T-----	-P-
FR13	2k	76	-----R-T-----XC-X-XXXC-X	
EB1	3a	247	--R-T--I-----V	-C-
NZL1	3a	248	--L--R-T--I-----V	
HCV-TR	3b	235	--L--RQT--L--N-----V	
GB358	4c	249	-----R-T--M-----	
DK13	4d	236	-----R-T--M-----	
CAM600	4e	237	-----R-T--M-----	
GB809	4e	238	-----L-R-T-----M-----	
HPCCOREZA	4?	250	-----T-----	-G
HPCCOREZB	4?	251	-T-----M-----	
HPCCOREZC	4?	252	-----M-----	
GB724	4?	253	-----R-T--M-----	
BNL7	4k	28	-----R-T--M-----	
BE95	5a	239	-----R-T--M-----	-M-
HK2	6a	240	--L--R-T-----T-----	
VN13	7a	46	--L--R-T-----	
VN4	7c	44	--L--R-T--I-----	
VN12	7d	48	--L--R-T-----M-----	
FR1	9a	42	--L--R-T-----M-----	
NE98	10a	50	--L--R-T--X-----V	-Q-
FR19	11a	104	-----RQT-----	-V-

45/74

Fig. 4B

Isolate	Type	SEQ ID	Core-V
HCV-1	1a	229	KT SERSQPRGRROIPKARRPEGRRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP
HCV-J	1b	230	-----X-X-X-S-----M-----
BNL1	1d	2	-----X-X-X-S-----X-----
BNL2	1d	6	-----D-----QSD-XX-H-----
CAM1078	1e	10/60	-----E-----S-----X-----
FR2	1f	12	-----S-----A-----
FR16	1g	66	-----S-----S-----M-----
HCV6	2a	231	-----D-ST-KS-GK-----L-----
HCV8	2b	232	-----D-ST-KS-GK-----L-----
CH610	2c	233	-----D-TT-KS-GR-----L-----
NE92	2d	234	-----D-T-KS-GK-----L-----
BNL3	2e	14	-----D-XAT-S-GR-----L-----
FR4	2f	18	-----D-AT-KS-GR-----L-----
FR13	2k	76	-----D-XTT-KS-GR-----L-----
EB1	3a	247	-----S-----S-----
NZL1	3a	248	-----S-----S-----
HCV-TR	3b	235	-----KQ-HL-SR-S-----K-L-----
GB358	4c	249	-----S-----S-----
DK13	4d	236	-----QL-S-----
CAM600	4e	237	-----T-S-----
GB809	4e	238	-----S-----S-----
BNL7	4k	28	-----X-----
HPCCOREEZA	4?	250	-----S-----S-----F-----
HPCCOREZB	4?	251	-----S-----S-----K-----
HPCCOREZC	4?	252	-----S-----S-----
GB724	4?	253	-----S-----S-A-----
BE95	5a	239	-----Q-T-S-G-----A-L-----
HK2	6a	240	-----Q-Q-H-----
VN13	7a	46	-----V-HQT-----
VN4	7c	44	-----V-HQT-----
VN12	7d	48	-----A-----V-QNQ-----
FR1	9a	42	-----V-Q-T-S-G-----
NE98	10a	50	-----S-----R-T-S-----
FR19	11a	104	-----V-TT-----

46/74

Fig. 4C

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a	229	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGA	PLGGAARA
HCV-J	1b	230	-----	-----
BNL1	1d	2	-----N---	-----
BNL2	1d	6	-----	-----
CAM1078	1e	10/60	-----X-----	-----
FR2	1f	12	-----N-----	-----S-T
FR16	1g	66	H-----S-----	-----V
HC-J6	2a	231	-----N-H-----V-----	-----V
HC-J8	2b	232	-----T-----H-----R-----I-----	-----V
CH610	2c	233	-----H-----	-----V
NE92	2d	234	-----H-----	-----V
BNL3	2e	14	-----SEQ ID NO: 16	-----X
FR4	2f	18	-----N-H-----	-----V
FR13	2k	76	-----H-----	-----V
HCV-TR	3b	235	-----N-----F-----	-----V
GB116	4c	241	-----	-----V
DK13	4d	236	-----N-----	-----V
CAM600	4e	237	-X-X-N-X-	-----V
GB809	4e	238	-----N-----	-----V
G22	4f	242	-----	-----V
GB549	4g	243	-----	-----V
GB438	4h	244	-----	-----V
BNL7	4k	28	-----N-----	-----V
BE95	5a	239	-----N-N-K-----	-----G-I-V
HK2	6a	240	-----H-N-----	-----V
VNI3	7a	46	X-----N-X-----XX-----IE--	-----V-A
VNI4	7c	44	-----N-N-----	-----V
VNI2	7d	48	-----D-X-N-X-----	-----X
FR1	9a	42	-----N-N-----	-----E
NE98	10a	50	-----N-----	-----VL-G

47/74

Fig. 4D

Isolate	Type	SEQ ID	151	200
HCV1	1a	229	LAHGVRLVLE	GVNYATGNLPGCSFIFLLALLSCLTVPASVQVRNSTGL
HCV-J	1b	230	-----	-----I-----E-----VS-I
BNL1	1d	4	-----	-----XT-HE-----AS-V
BNL2	1d	8	-----	-----F-----TT-HE-----AS-V
FR2	1f	12	-X-----XG-----XXXXX-X-----XX-----X-----T-----E-HST-DG	
FR16	1g	66	--Q-F-D-	
HC-J6	2a	231	-----	-----F-----I-T-V-AE-K-ISTG
HC-J8	2b	232	-----	-----I-----V-----V-----VE-----ISSS
CH610	2c	233	-----	-----I-----S-----IS-V-----VE-K-TSTS
S83	2c	254	-----	VE-KDTGDS
NE92	2d	234	-----	-----I-----V-GL-----K-TSSS
BNL3	2e	16	--X-----	-----I-X-----V-----V-XVE-K-TSQA
FR4	2f	18	-----	-----I-----I-----V-----I-----K-NSHF
BNL4	2g	20	-----	-----V-----V-----V-----K-TSTM
BNL5	2h	24	-----	-----I-----V-----V-----K-TSHS
BNL6	2i	26	-----	-----I-----V-----V-----A-RS-S
FR13	2k	76	-----	-----I-E-----S-----/I-X-V-----VEIK-TXNT
BR36	3a	255	-----	LEW-TS
HCV-TR	3b	235	-----A-G-----	-----F-----C-----GLEYT-TS
Z4	4a	256	-----	EHY--AS-I
GB809-4	4a	257	-----	EHY--AS-I
Z1	4b	258	-----	VHY--AS-V
GB116	4c	241	-E-----AV-----I-----	-----S-----T-----VNY--AS-V
GB215	4c	259	-----	IHY--AS-V
GB358	4c	260	-----	VNY--AS-I
DK13	4d	236	-----	-----NY--S-V
CAM600	4e	237	-----	-----T-----VNY--AS-I
GB809-2	4e	238	-----	-----GVNY--AS-V
CAMG22	4f	261	-----	-----VHYH-TS-I
CAMG27	4f	262	-----	-----VHYH-TS-I
GB549	4g	243	-----	-----QHY--IS-I
GB438	4h	244	-----	-----QHY--AS-I
BNL7	4k	30	-----	-----I-F-----IN--VS-I
BNL8	4k	32	-----	-----I-----IN--TS-I
BNL9	4k	34	-----	-----I-----IN--TS-I
BNL10	4k	36	-----	-----I-----I-----X-----X-----TNY--VS-I

**Fig. 4E**

BNL11	4k	38		-I--X-	--TNY-VS-I
BNL12	4l	40		-I-	-QHY-VS-I
BE95	5a	239			-VPY-AS-I
BE100	5a	263			VPY-AS-I
HK2	6a	240			
VN4	7c	44		-XXI-X-	X--LTYG-S-
VN12	7d	48		-AI-I-	X-T-AHVT-KS-
FR1	9a	42		-AI-	T-LNYA-KS-
NE98	10a	52		-I-F-	T-I-K-AS-I
					F-LT-TAGLEY-AS-



49/74

Fig. 4F

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
			201			250
HCV-1	1a	229	YHVTND	CPNSSIV	YEADAILHTPGCVPCV	REGNASCRCWAMTPVATRD
HCV-J	1b	230	---	---	---	---
BNL1	1d	4	---	---	---	---
BNL2	1d	8	---	---	---	---
FR2	1f	12	---	---	---	---
HC-J6	2a	231	---	---	---	---
HC-J8	2b	232	---	---	---	---
CH610	2c	233	---	---	---	---
S83	2c	254	---	---	---	---
NE92	2d	234	---	---	---	---
BNL3	2e	16	---	---	---	---
FR4	2f	18	---	---	---	---
BNL4	2g	20	---	---	---	---
BNL5	2h	24	---	---	---	---
BNL6	2i	26	---	---	---	---
FR13	2k	76	---	---	---	---
BR36	3a	255	---	---	---	---
HCV-TR	3b	235	---	---	---	---
Z4	4a	256	---	---	---	---
GB809-4	4a	257	---	---	---	---
Z1	4b	258	---	---	---	---
GB116	4c	241	---	---	---	---
GB215	4c	259	---	---	---	---
GB358	4c	260	---	---	---	---
DK13	4d	236	---	---	---	---
CAM600	4e	237	---	---	---	---
GB809-2	4e	238	---	---	---	---
CAMG22	4f	261	---	---	---	---
CAMG27	4f	262	---	---	---	---
GB549	4g	243	---	---	---	---
GB438	4h	244	---	---	---	---
BNL7	4k	30	---	---	---	---
BNL8	4k	32	---	---	---	---
BNL9	4k	34	---	---	---	---
BNL10	4k	36	---	---	---	---
BNL11	4k	38	---	---	---	---

50/74

Fig. 4G

BNL12	41	40	-----SDHH--L-----KT--T-----L-----API
GB724	4x	246	--I-----V--TDHH--L-----T--V-----TPV-----AVS
BE95	5a	239	-----DNL--A-----MT--V-----QI-----LSAPS
BE100	5a	263	-----D--L--A-----KD--V-----QI-----LSAPS
HK2	6a	240	--L-----L--DAM--L--L-----VDDR--T--H--V--L--IPN
VN4	7c	44	--L-----ETL--L-----KXX--Q-----QAS--L--VPN
VN12	7d	48	--L-----NGM--L-----KT--LTK--LSAS--L--VQN
FR1	9a	42	--L-----S--N--F--ETM--L-----IKA--E-----LPVS--L--VPN
NE98	10a	52	-M-----S--G-----G--I--L-----S--T-----IPVSX--VKS

51/74

Fig. 4H

Isolate	Type	SEQ ID	V4	V5
			251	300
HCV-1	1a	229	GKLPATQLRRHIDLVLGSGATLCSALYVGLCGSVFLVGQLETFSPRRHWT	
HCV-J	1b	230	SSI-T-TI--V--A-A--M--S--	YE--
BNL1	1d	4	ASV-TXAI--V--XX-F--M-X--A--	M-H--
BNL2	1d	8	ANV-TAAI--V--T-AFR--M--	LYH--
FR2	1f	12	ANA-IDEV--V--A-VF--M-I--G--	TS--
HC-J6	2a	231	PGALTQG--T--MV-M--	G-M-AA-M-IV--QH--F
HC-J8	2b	232	RGALTRS--T-V-MI-MA--A--	V-A-MILS-A-MV--Q--NF
CH610	2c	233	PGTLTKG--A-V-VI-M--	V-ALMIAA-AVIA--Q--TF
S83	2c	254	PGALTKG--A--II-M--V--	V-ALM-AA-VVW--QH-TF
NE92	2d	234	PGALTKG--T--TIIA--F--	I--A-M-AS-V-II--QH-KF
BNL3	2e	16	PGALTKG--AR--AV-M--	V-A-MIAA-A-IVA-K--YF
FR4	2f	18	PGALTRG--A--TI-M--	I--A-MIAA-VAVV--QY-TF
BNL4	2g	20	PGALTRG--T--TI-MV--	I--V-A-MIAA-VVIV--QH-NF
BNL5	2h	24	PGALTRG--T--TI-A--V--	F-A-M--S-F-MI--QH-IF
BNL6	2i	26	PGAXTKG--T--II-A--F--	
FR13	2k	76	PGALTEG--S--TI-A--F--	I--V-ALMIAA-VVIV--EH-HF
BR36	3a	255	VGATTASI-S-V--A-M--	M-A--A--R--Q--
HCV-TR	3b	235	LGVTTASI-T-V-M--ARQ--	A--A--R--T--
Z4	4a	256	PGA-LESF--V-M-A--	GA-M-MI--R--
GB809-4	4a	257	MDA-LESF--V-M-A--V-V--	GA--M--Q--
Z1	4b	258	PNA-LESM--V-M-A-M--F-I--	G--D-R--
GB116	4c	241	VGA-LES--S-V-M-A-V--I--	G--M-S-Q--
GB215	4c	259	IGA-VESF--V-MM-A-V--I--	G--M-S-R--
GB358	4c	260	IGA-LES--S-V-M-A-A--I--	G--M-S-Q--
DK13	4d	236	LNA-LES--V-M-G--I-V-G--	Q--
CAM600	4e	237	AGA-LEP--V-M-A-M--I--	GL--M--Q--
GB809-2	4e	238	VGA-LEP--V-M-A-V--	GL--M--Q--
CAMG22	4f	261	LGA-LESM--V-M-T--	GI--A-M--R--L--
CAMG27	4f	262	IGA-LESM--V-M-T--	GI--M-N-R--L--
GB549	4g	243	VGA-LESM--V-M-A-V--I--	G--M--R--
GB438	4h	244	LGA-L-SV-Q-V-M-A-V--I--	H-G--A-MVS-Q--
BNL7	4k	30	IGA-LES--S-V-M-A-V--I--	X-XGL--M-S-R--
BNL8	4k	32	IGA-LES--S-V-M-A-V--I--	GL--M-S-R--
BNL9	4k	34	IGA-LES--S-V-M-A-V--I--	GL--M-S-R--
BNL10	4k	36	TAA-LES--S-V-M-A-V--I--	X--GL--M-SXQ--
BNL11	4k	38	IGA-LES--S-V-VM-A-V--I--	GL--M-S-R--

52/74

Fig. 4I

BNL12	41	40	LSA-LMSV--V-M-A--S-----GA-----M-Q----
GB724	4x	246	VDA-LESP--V-M-A--V-----GA-----M-Q----
BE95	5a	239	LGAVTAP--AV-Y-A-G-A-----A-AL-----M-YR-Q-A-
BE100	5a	263	FGAVTAP--AV-Y--G-A-----A-AL-----M-YR-Q-A-
HK2	6a	240	AST--GF--V--A-A-VV-S-I-----L-A-----Q----
VN4	7c	44	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF--M-----GL-----LR-M-QV
VN12	7d	48	ASVSIRGV-E-V-----A-AF--M-----GL-----R-MYEI
FR1	9a	42	SSV-IHGF--V-----A-AF--M-I-----II-----R-KY-QV
NE98	10a	52	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL-X-G-SWRH-Q----

53/74

Fig. 4J

Isolate	Type	SEQ ID	V5	319
HCV-1	1a	229	TQGCNCSIYPGHITGRMA	
HCV-J	1b	230	V-D-----VS-----	
BNL1	1d	4	--E-----	
BNL2	1d	8	--E-----	
FR2	1f	12	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a	231	V-D-----T-----	
HC-J8	2b	232	--E-----Q-----	
CH610	2c	233	V-E-----X-----	
S83	2c	254	V-E-----R-----	
NE92	2d	234	V-D-----	
BNL3	2e	16	V-E-----	
FR4	2f	18	V-E-----X-----	
BNL4	2g	20	S-D-----	
BNL5	2h	24	V-D-----	
FR13	2k	76	V-D-----P-X	
BR36	3a	255	V-T-----L-----	
HCV-TR	3b	235	V-T-----VS-----	
Z4	4a	256	--E-----T-----	
GB809-4	4a	257	--D-----T-----	
Z1	4b	258	--D-----VS-----	
GB116	4c	241	--D-----A-V-----	
GB215	4c	259	--D-----A-----G-----	
GB358	4c	260	--D-----A-V-----	
DK13	4d	236	--D-----T-----	
CAM600	4e	237	--D-----T-----	
GB809	4e	238	--D-----A-----	
CAMG22	4f	261	--E-----T-----	
CAMG27	4f	262	--E-----	
GB549	4g	243	--D-----D-----	
GB438	4h	244	--D-----V-----	
BNL7	4k	30	--D-----	
BNL8	4k	32	A-D-----	
BNL9	4k	34	--D-----	
BNL10	4k	36	--D-----	
BNL11	4k	38	--E-----	
BNL12	4l	40	V-D-----	

54/74

Fig. 4K

GB724	4x	246	--D-----T-----
BE95	5a	239	V-N-----S--V-----
BE100	5a	263	V-D-----S--V--Q----
HK2	6a	240	V-D-----T--V-----
VN4	7C	44	V-E-----T-----
VN12	7d	48	A-D-----A-----
FR1	9a	42	--D-----XNX--V-----
NE98	10a	52	V-D-----

55/74

Fig. 5A NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a	264	CTCCACAGTCACTGAGAGCGACATCCGTACGAGGAGGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b	265	--A-G--AT--T--AT--T--	
BE90	1b	266	N-A--C--A--GTT--T--T--	
BNL1	1d	53	--G--T--AT--GTC--AT--A--	
BNL2	1d	55	--G--T--A--C--RAT--T--	
FR17	1d	57	--G--T--A--T--GTC--AT--G--	
CAM1078	1e	61	--A-G--AGCT--T--A--A--T-C-A--	
FR2	1f	63	N-A--T--T--A--RT--T--	
FR16	1g	67	NNNNNN--T--T--GTC--RT--T--	
HC-J6	2a	267	--A-C--A--A-G-T--T-C-A--T-GGG	
HC-J8	2b	268	--A-C--G--AA-A-A--A--AT-C-A--T--GG	
BNL3	2e	69	--G--A--T--AA-N-T--T-C-A--GG	
FR4	2f	71	--A-C--A--G-T-AA-A-T--T-C-A--TGG	
BNL5	2h	73	--A--G-G--A--A-G-C--T-C-T--TTG	
FR13	2k	77	A--A--A--A--A--AGTT--A--T-CG-T--T-TG-	
FR18	2l	79	--A--G--G--A-G-AT--T-C-A-T--TGG	
T1	3a	269	--A-T--ACAG--A-GGT--A--AG-A--	
T9	3b	270	--T-T--ACAT--A-G--AG-A--	
PAK64	3g	81	--T-T--ACAG--T--A-GGTA--A--A--A--	

56/74

Fig. 5B

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
GB48	4c	271	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-----T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB116	4c	272	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB215	4c	273	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB358	4c	274	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB809	4e	275	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
GB549	4g	276	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
BNL8	4k	83	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
BNL12	4l	85	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
EG81	4m	87	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
CHR18	5a	277	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN13	7a	89	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN4	7c	91	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
VN12	7d	93	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR1	9a	95	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
NE98	10a	97	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR14	11a	99	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR15	11a	101	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-
FR19	11a	105	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-



57/74

Fig. 5C

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
HCV-1	1a	264	GTGTGACCTCGACCCCAAGCCGCGTGGCCATCAAGTCCCTCACCGAG	
HCV-J	1b	265	-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-G-----A-----	
BE90	1b	266	-----T-G-C-----G-G-----A-ACA-----A-----G-----A-----	
BNL1	1d	53	-----T-G-C-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----	
BNL2	1d	55	-----T-G-C-----Y-G-G-----AA-----A-----G-----	
FR17	1d	57	-C-----T-G-C-----G-G-----AA-----A-----G-----	
CAM1078	1e	61	-C-----GC-----G-----A-T-----A-----TT-G-T-----A-----	
FR2	1f	63	-C-----T-A-----G-G-----T-----AA-----A-G-----A-----	
FR16	1g	67	-C-----G-C-----G-G-----T-----A-----A-----G-----T-----	
HC-J6	2a	267	C-----TC-T-GCC-GAGG-G-----A-ACT-----AC-C-A-G-T-----	
HC-J8	2b	268	C-----TCT-GCCT-AAG-----A-AACT-T-----AC-C-G-----T-----	
BNL3	2e	69	C-----TC-T-ACC-GAG-G-----A-AACT-----AC-C-AT-G-T-----	
FR4	2f	71	CC-CTC-T-ACC-GAG-G-----GACT-----AC-T-AT-A-T-----	
BNL5	2h	73	CC-CTC-T-ACC-GAG-G-----A-ACT-----AC-T-AT-A-T-----	
FR13	2k	77	CC-TCA-TCC-GAGG-G-----A-CT-----AC-C-A-A-T-----	
FR18	2l	79	CC-CTCGT-GCC-GAGG-G-----GACT-T-----AC-T-G-----T-----	
T1	3a	269	-C--A-----T-A--GG-G--A-GAGA-TG--TCC-----G-----	
T9	3b	270	-C-----T-G--AG-G--T-GAA-G--GCG-T-----A-----	
PAK64	3g	81	-----T-G--GG-G--TA-ACG--A-----A-G-----G--A-----	

58/74

Fig. 5D

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4C	271	-----G-G-G-G-----AA-A-T-CCG--A-A--	-----G-G-G-G-----AA-A-T-CCG--A-A--
GB116	4C	272	-----G-G-G-G-----AGA-A-T-CCG--A-A--	-----G-G-G-G-----AGA-A-T-CCG--A-A--
GB215	4C	273	-----G-G-G-G-----AA-TA-T-CCG--A-A--	-----G-G-G-G-----AA-TA-T-CCG--A-A--
GB358	4C	274	-----G-G-G-G-----AA-A-T-CTG--A-A--	-----G-G-G-G-----AA-A-T-CTG--A-A--
GB809	4e	275	-----T-G-G-G-G-G-----AA-TA-AGCCG--G--	-----T-G-G-G-G-G-----AA-TA-AGCCG--G--
GB549	4g	276	-C-C-----G-G-G-G-----AA-TG-ATCCG--A-G-A	-C-C-----G-G-G-G-----AA-TG-ATCCG--A-G-A
BNL8	4K	83	-----G-G-G-G-----T-AA-TT-T-CCG--A-A--	-----G-G-G-G-----T-AA-TT-T-CCG--A-A--
BNL12	4L	85	-----G-R-G-G-----AAA-A-ATCCG--A--	-----G-R-G-G-----AAA-A-ATCCG--A--
EG81	4M	87	-----T-G-G-G-G-G-----AA-A-ATCCG--G--	-----T-G-G-G-G-G-----AA-A-ATCCG--G--
CHR18	5a	277	CA-TGT--T-GC-G-TG-G-G-T-----A-ACG--A--C-A	CA-TGT--T-GC-G-TG-G-G-T-----A-ACG--A--C-A
VN13	7a	89	-C--A-GT-G-G--GC--A-GACA-----CA-G--T-T-C	-C--A-GT-G-G--GC--A-GACA-----CA-G--T-T-C
VN4	7c	91	-C--CC-A-T-----GGTG-A-AA-T-T-CA-T-G-T--	-C--CC-A-T-----GGTG-A-AA-T-T-CA-T-G-T--
VN12	7d	93	-C--CC-AT-A-T-GGT--A-GAAA--T-CA-T-T-T--	-C--CC-AT-A-T-GGT--A-GAAA--T-CA-T-T-T--
FR1	9a	95	CC--CC-G-----AG-G-----GAAA--T-----T--	CC--CC-G-----AG-G-----GAAA--T-----T--
NE98	10a	97	CC-----A-GGA-G-G-TA-GAG-TG-A-CT-A--G--	CC-----A-GGA-G-G-TA-GAG-TG-A-CT-A--G--
FR14	11a	99	C---C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA--T-A-G-G-A--	C---C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA--T-A-G-G-A--
FR15	11a	101	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T-A-A-G-A--	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T-A-A-G-A--
FR19	11a	103	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A-A-G-A--	C---C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A-A-G-A--

59/74

Fig. 5E

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a	264	AGGCTTTA	AGGCTTTA
HCV-J	1b	265	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BE90	1b	266	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL1	1d	53	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL2	1d	55	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR17	1d	57	AGGCTTTA	AGGCTTTA
CAM1078	1e	61	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR2	1f	63	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR16	1g	67	AGGCTTTA	AGGCTTTA
HC-J6	2a	267	AGGCTTTA	AGGCTTTA
HC-J8	2b	268	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL3	2e	69	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR4	2f	71	AGGCTTTA	AGGCTTTA
BNL5	2h	73	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR13	2k	77	AGGCTTTA	AGGCTTTA
FR18	2l	79	AGGCTTTA	AGGCTTTA
T1	3a	269	AGGCTTTA	AGGCTTTA
T9	3b	270	AGGCTTTA	AGGCTTTA
PAK64	3g	81	AGGCTTTA	AGGCTTTA

60/74

Fig. 5F

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
GB48	4c	271	--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTG--	
GB116	4c	272	--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTG--	
GB215	4c	273	--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--AGC--AA--A--CCTG--	
GB358	4c	274	--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTG--T--	
GB809	4e	275	--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTT--	
GB549	4g	276	--A--C--C--G--C--T--CA--GTA--C--C--A--CCTA--	
BNL8	4k	83	--A--C--C--G--C--T--CA--GCA--CAGC--A--A--CCTT--T--	
BNL12	4l	85	--R--C--CT--G--C--T--CA--GTAT--CAGC--AA--CT--	
EG81	4m	87	--A--C--C--G--C--T--CA--GTTT--CAGC--A--A--CCTA--T--	
CHR18	5a	277	C--C--G--CTG--A--CA--GTAT--CAGC--A--C--AC--A--T--	
VN13	7a	89	C--AT--G--CTNC--T--T--CA--GTNT--C--T--AA--TC--GCA--T--	
VN4	7c	91	C--G--CTGC--W--G--CA--G--TG--C--CC--T--TC--ATCA--T--	
VN12	7d	93	C--G--CTGC--C--CA--GTA--C--TC--A--TC--TCA--T--	
FR1	9a	95	C--C--C--C--C--A--GTA--C--A--A--CC--ACT--T--	
NE98	10a	97	C--CTG--T--T--A--GTT--CAGC--A--AC--AC--	
FR14	11a	99	--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC--A--CC--GCT--	
FR15	11a	101	--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC--AA--CC--GC--	
FR19	11a	105	--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC--A--CC--GC--	

61/74

Fig. 5G

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
HCV-1	1a	264	CTATCGAGGTCCGCGGCGGCGTACTGCAACTAGCTGTGTAACA	
HCV-J	1b	265	T-----C-----A-T-----G-----G-----C-C-----	
BE90	1b	266	-----C-A-----A-----G-----G-C-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	-----C-TC-----C-----G-----T-C-----C-C-----	
BNL2	1d	55	-----TC-----T-----G-----C-C-----C-C-----	
FR17	1d	57	-----C-TC-----C-----G-----T-C-----C-----T-----	
CAM1078	1e	61	-----A-----T-C-----CT-----C-----C-C-----	
FR2	1f	63	-----C-C-A-----T-A-----C-----G-----C-C-----	
FR16	1g	67	-----C-----T-----T-----G-----T-----C-----	
HC-J6	2a	267	G-CA-GC-T-----C-----G-G-T-C-----ATG-G-----	
HC-J8	2b	268	-----CA-GC-T-----A-----T-TC-C-C-C-----ATG-G-T-----	
BNL3	2e	69	A-CA-GCAT-----C-----A-G-C-C-C-----TATG-G-T-----	
FR4	2f	71	A-CA-GC-T-----T-----A-G-C-C-C-----TATG-G-----	
BNL5	2h	73	T-CA-AC-T-----C-----A-G-C-C-C-----ATG-G-T-----	
FR13	2k	77	A-CA-GC-C-----C-----G-G-C-C-----ATG-G-T-----	
FR18	2l	79	A-CA-GC-T-T-----C-----G-GT-C-C-----ATG-C-T-----	
T1	3a	269	T-----C-----T-C-T-A-C-----C-T-C-----TC-C-----	
T9	3b	270	-----C-C-----C-----CT-C-T-C-----TC-C-T-----	
PAK64	3g	81	A-----C-T-----T-----T-----T-C-C-----AC-----T-----	

62/74

Fig. 5H

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4C	271	G	G
GB116	4C	272	G	G
GB215	4C	273	G	G
GB358	4C	274	G	G
GB809	4e	275	G	G
GB549	4g	276	GC-A-G	GC-A-G
BNL8	4k	83	G	G
BNL12	4l	85	G	G
EG81	4m	87	G	G
CHR18	5a	277	T	T
VNI3	7a	89	A	A
VNI4	7c	91	A	A
VNI2	7d	93	G	G
FR1	9a	95	TC-A	TC-A
NE98	10a	97	T	T
FR14	11a	99	A	A
FR15	11a	101	A	A
FR19	11a	105	A	A

GB48	4C	271	G	G
GB116	4C	272	G	G
GB215	4C	273	G	G
GB358	4C	274	G	G
GB809	4e	275	G	G
GB549	4g	276	GC-A-G	GC-A-G
BNL8	4k	83	G	G
BNL12	4l	85	G	G
EG81	4m	87	G	G
CHR18	5a	277	T	T
VNI3	7a	89	A	A
VNI4	7c	91	A	A
VNI2	7d	93	G	G
FR1	9a	95	TC-A	TC-A
NE98	10a	97	T	T
FR14	11a	99	A	A
FR15	11a	101	A	A
FR19	11a	105	A	A

63/74

Fig. 5I

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
HCV-1	1a	264	CCCTCACTTGCTACATCAAGCCCGGGCAGCCTGTCGAGCCGAGGGCTC	
HCV-J	1b	265	-----A-T-T-G-----ACT-G-----T-AA-----	
BE90	1b	266	-----T-A-T-C-A-----TCT-----T-GAA-----	
BNL1	1d	53	-----G-A-----T-G-A-A-A-G-----T-AA-----	
BNL2	1d	55	-----A-----T-G-A-A-A-G-----T-AA-----	
FR17	1d	57	-----A-T-T-G-A-A-A-G-----T-GAA-----	
CAM1078	1e	61	-----C-----T-----TA-----A-----T-CAA-----	
FR2	1f	63	-----C-T-----A-----A-----T-GAA-----	
FR16	1g	67	-----A-----C-G-A-GCC-G-----T-AA-----	
HC-J6	2a	267	-----A-----TG-G-A-TTA-G-----AAG-T-----A-A	
HC-J8	2b	268	-----A-G-A-T-----A-----TT-----G-AAG-T-----A-	
BNL3	2e	69	-----A-----G-----TA-G-T-AA-A-----AA-A	
FR4	2f	71	-----A-----G-T-TG-G-A-----TC-----T-AA-T-G-CA-T	
BNL5	2h	73	-----A-----A-----TG-G-----ATTA-T-----CAA-T-----CA-	
FR13	2k	77	-----T-----A-----TG-G-----A-----CA-G-----G-CA-T	
FR18	2l	79	-----A-----G-----TG-G-A-AT-----T-CA-----T-C-A-T	
T1	3a	269	-----AA-----T-----ACA-G-TGCGAAG-----C-----	
T9	3b	270	-----AA-A-C-T-----ACT-----A-CA-G-T-G-T-----	
PAK64	3g	81	-----AA-----C-----A-A-G-TGC-----T-G-C-T	

64/74

Fig. 5J

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4C	271	8132
GB116	4C	272	-A-G-G-C-A-TCA-C-TATCAA-G-G-G
GB215	4C	273	-A-G-G-TTTC-A-TCA-C-TATCA-G-G-G
GB358	4C	274	-A-G-G-TTTC-A-TCA-C-TATCA-G-G-G
GB809	4e	275	-AA-G-G-C-T-TCA-TATCA-G-T-G-A
GB549	4g	276	-TG-A-G-T-TTTC-GTT-G-TAC-A-G-T-G
BNL8	4k	83	-A-G-G-C-A-TCA-T-TAT-A-G-G-G
BNL12	4l	85	-AG-G-C-TTTC-TTTC-TATCA-G-T-C-A
EG81	4m	87	-A-G-C-C-TTTC-TTTC-TATCA-G-T-C-G
CHR18	5a	277	-A-G-G-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC-AA
VN13	7a	89	-T-G-A-T-A-G-A-CA-T-C-G
VN4	7c	91	-A-A-TT-G-A-A-AA-G-A-G-AA
VN12	7d	93	-A-G-A-T-A-G-T-A-G-A-AA
FR1	9a	95	-A-A-TT-G-A-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC
NE98	10a	97	-AA-C-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC
FR14	11a	99	-A-G-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC
FR15	11a	101	-A-G-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC
FR19	11a	105	-A-G-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC-TTTC

8181



Fig. 5K

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
HCV-1	1a	264	CAGGACTGCACCATGCTCGTGTGTGGCGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA	
HCV-J	1b	265	-----G-----AAC-A-----C-T-----	
BE90	1b	266	-----G-----C-G-----C-T-----	
BNL1	1d	53	-G-----C-G-T-----C-T-----	
BNL2	1d	55	-----G-----C-A-----C-T-----	
FR17	1d	57	-----A-----C-A-----C-T-----	
CAM1078	1e	61	-----T-----C-----C-G-----G-----C-----	
FR2	1f	63	-----T-T-A-----C-----C-T-----C-----	
FR16	1g	67	-G--A-----A-----C-----C-----C-----	
HC-J6	2a	267	ATT-CGCC--A-----G-A-C-----T-----G-T-C-----CA-----	
HC-J8	2b	268	GT-----CCTGTT--T-G-----A-----C-G-----C-----CA-----	
BNL3	2e	69	GT--C-CC-----G-----C-----T-----C-----T-C-----CA-----	
FR4	2f	71	GTT-C-CC--G-----G-----C-----T-----C-G-T-C-----CA-----	
BNL5	2h	73	GTT-CTCC--G-----G-T-----TC-G--A-C-----CA-----	
FR13	2k	77	GTT-CACC--A-----G-----C-----C-G-----C-----CA-----	
FR18	2l	79	G-C-C-CC--A--T-G-A-----C-G-G-C-----C-----CA-----	
T1	3a	269	-G-A--CCGGA-T-T--T-C-C-A--T--TC-G--AG-GGC-----	
T9	3b	270	A-A--CCAT-TT-C-T-C-C-A--T--T-G-G--G-A-C-----	
PAK64	3g	81	--A--CCAT-AT-C-T-C-C-A--T--T-G-G--AG-GGC-----	

66/74

Fig. 5L

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
GB48	4C	271	AGA	---
GB116	4C	272	AGA	---
GB215	4C	273	AGA	---
GB358	4C	274	AGA	---
GB809	4e	275	A	---
GB549	4g	276	A-A-GT	---
BNL8	4k	83	AGA	---
BNL12	4l	85	A-A	---
EG81	4m	87	A	---
CHR18	5a	277	---	---
VN13	7a	89	A	---
VN4	7c	91	A-AA	---
VN12	7d	93	A-AA	---
FR1	9a	95	ACA	---
NE98	10a	97	A-AA-TCCAT	---
FR14	11a	99	GTA	---
FR15	11a	101	GTT	---
FR19	11a	105	GTT	---

T-G-C-T-T-C-G-T-C-GC-  
T-G-C-T-T-C-G-C-TGC-  
T-G-C-A-T-C-G-C-TGCC-  
T-G-C-T-T-C-G-C-GC-  
A-T-G-T-C-T-C-G-GCC-  
A-A-GT-G-T-A-C-C-  
AGA-G-T-C-T-G-C-GC-  
A-A-G-C-C-T-G-C-GCC-  
A-T-A-G-T-C-G-C-GCA-  
GC-C-G-T-T-C-T-GCC-T-C-  
TTGA-T-G-C-C-A-C-T-CG-  
A-AA-ATGA-T-A-C-C-A-T-CG-  
A-AA-TTGA-T-G-C-C-A-T-CG-  
ACA-T-ATGA-T-G-C-C-A-T-CG-  
A-AA-TCCAT-AT-C-T-C-C-A-T-G-T-CG-AAC-  
GTA-CCGTG-T-C-T-C-G-C-CA-  
GTT-CCGTG-T-C-T-C-G-C-CA-  
GTT-CCGTG-T-C-T-C-G-C-CA-

67/74

Fig. 5M

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
HCV-1	1a	264	AAGCGGGGGTCCAGGAGGACGCGGCGAGCCTGAGAGCC	
HCV-J	1b	265	G--T--AAC--T--GC--AC--	
BE90	1b	266	-----AAC--A--AC--T--	
BNL1	1d	53	G--T--A--G--A--A--AC--T--	
BNL2	1d	55	G-----A--G-----A--AC--T--	
FR17	1d	57	G--T--R--A--G--T--A--AC--T--	
CAM1078	1e	61	G--T--TA--AC--T-----C--	
FR2	1f	63	G--T--A--N--N--TC--T--	
FR16	1g	67	G--T-----T--T--A--	
HC-J6	2a	267	G--CA--AC--G--A--CG--A--	
HC-J8	2b	268	G--CAA--TAA--G--A--CGA--A--T	
BNL3	2e	69	G--TCA--A--G--ACCG--A--	
FR4	2f	71	G--TCA--CTG-----A--CGA--A--T	
BNL5	2h	73	G--TCA--AAC--G--T--A--CG--A--T	
FR13	2k	77	G--TCA--ACTG--AG-----A--AAC--A--C--T	
FR18	2l	79	G--TCA--AC--G-----A--CGA--AT--T	
T1	3a	269	G--AT--C--G--T--TAGA--AGC--	
T9	3b	270	---TGC--C--G-----AGA--AGCT--C--	
PAK64	3g	81	G--TTGC--KC--TG--T-----G--ATAG--GCAGC	

68/74

Fig. 5N

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c	271	G---AT--C--AG-----AAACGACC---CG-----	
GB116	4c	272	---AT--C--AG-----AAACGAGC---CG-----	
GB215	4c	273	G---AT--C--AG-----AAACGAGC---CG---T-	
GB358	4c	274	G---AT--C--TG-----AAACGAGC---CG-----	
GB809	4e	275	G---GT--C--TG-----AAACGANC---CG---T-	
GB549	4g	276	G---GC--C--AG-----T--AAGAGC---CC-----	
BNL8	4k	83	G---AT--C--AG-----TAACCGAGC---CCN-----	
BNL12	4l	85	G---A--C--AG-----TT-CCAACC---CC-----	
EG81	4m	87	G---AT--C--GG-C-----CGCCGAGC---CCA---T	
CHR18	5a	277	G---CA---ACG--C-----TAAA-----	
VN13	7a	89	G---TTT-----TC-----A-TAGTGCA---C---T	
VN4	7c	91	G-T-GA-A---TCT-----T-TT-ACGC---C---A	
VN12	7d	93	G---GA-A---CT-----T--C-G-GC---C---T-	
FR1	9a	95	G-T-T-A---A-C-----TATC--T-A---C-----	
NE98	10a	97	G-T-A---A-G-T-----AA-AGCGC-T-----T	
FR14	11a	99	---AA-----GG-----CA-CG-GA---AC---T-	
FR15	11a	101	G---AA-----AG-----CA-CGAGA---AC	
FR19	11a	105	---AA-----GG-----CAACGAGA---AC---NT-	

69/74

Fig. 6A NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2694
HCV-1	1a	278	STVTESDIRTEEA	IYQCCLDPQARVAIKSLTERLYVGGPLNSRG
HCV-J	1b	279	-----N-----	S-----A-E-Q-R-----K-Q-----
2TV4	1c	280	-----N-----	S-----H-D-A-N-----K-----
BNL1	1d	54	-----N-----	V-S-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----
BNL2	1d	56	-----N-----	XS-----AXE-K-----K-Q-----
FR17	1d	58	-----N-----	V-S-----A-E-K-----I-----K-Q-----
CAM1078	1e	62	-----A-----	S-----H-E-----K-----
FR2	1f	64	-----S-----	S-----E-K-R-----I-----K-Q-----
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----	A-E-----K-Q-----
HC-J6	2a	281	-----R-----	S-RA-S-PEE-HT-H-----MF-K-QT-----
HC-J8	2b	282	-----R-----	S-A-S-PQE-TV-H-----M-K-QS-----
ARG8	2c	283	-----R-----	S-S-PEE-T-H-----M-K-QS-----
NE92	2d	284	-----R-----	S-LA-S-PE-T-H-----ML-K-QT-----
BNL3	2e	70	-----R-X-----	S-A-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR4	2f	72	-----R-----	S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
BNL5	2h	74	-----A-R-----	S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR13	2k	78	-----R-----	V-SV-LS-S-PEE-A-H-----MQ-K-QS-----
FR18	2l	80	-----R-----	N-S-FLA-S-PEE-TV-H-----I-MM-K-QS-----
BR34	3a	285	-----C-----	MF-K-AQ-----
BR36	3a	286	-----C-----	MF-K-AQ-----
BR33	3a	287	-----C-----	MF-K-AQ-----
T9	3b	288	-----H-----	E-----E-E-K-SA-----I-MY-K-LQ-----
PAK64	3g	82	-----Q-----	V-E-----E-E-R-----MF-K-LK-----

70/74

Fig. 6B

GB48	4C	289	---K---V-EV-----E-E-K-TA-----MH-K-DL---
GB116	4C	290	---K---V-EV-----E-E-R-TA-----MH---DL---
GB215	4C	291	---K---V-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL---
GB358	4C	292	---K---V-EV-----E-E-K-TA-----MH-K-DL---
GB809	4e	293	---R-KV-EV-----E-E-KV-AA-----MH-K-DL---
CAMG22	4f	294	---R---V-EV-----E-ET-KV-SA-----MH---DL---
GB549	4g	295	---R---E-----E-E-KV-SA-----MY-K-DL---
GB438	4h	296	---R---V-E-----E-E-KV-SA-----K---MY-K-DL---
CAR4/120541	4i	297	P---R-X-V-EV-----N-EXDX-KV-NA-----MH-K-DL---
CAR1/501	4j	298	---X-R---GEV-----E-E-KV-TA-----MF-K-DL---
EG13	4?	299	V---N-E-E-K-TA-----MH-K-DL---
BNL8	4k	84	---K---P-EV-----E-E-KV-TA-----MH-K-DL---
BNL12	4l	86	---K---V-E-----X-E-K-SA-X-L---MY-K-L---
EG81	4m	88	---R---V-EV-----E-E-K-SA-----MF-K-DL---
BE95	5a	300	---H-M---S---S---Q-E-A-R-Q---C---MY-K-QQ---
CHR18	5a	301	---H-M---S---SLY-Q-E---R-Q---C---MY-K-QQ---
VN13	7a	90	---R-VQ---HD---K-E-A-T-T-D---X---MX-K-QA---
VN4	7c	92	---R-X---HD---Q---V-K-T---CX-MM---QS---
VN12	7d	94	S---R---HD---Q---V-K-T---C---MY---QS---
FR1	9a	96	---GR---XD-LS-Q---E-K---MY-K-QL---
NE98	10a	98	---Q---V-LS-F-A---KDE-RV-T---C---MF-K-QH---
FR14	11a	100	---R---S-LS-Q-PEE-K---ME-K-QA---
FR15	11a	102	---R---S-XXA-Q-PEE-K---ME-K-QA---
FR19	11a	106	---R---SX-LA-Q-PEE-K---ME-K-QA---

71/74

Fig. 6C

Isolate	Type	SEQ ID	2695	2744
HCV-1	1a	278	YRRCRASGVLTTSCGNTLTCTYIKARAACRAAGLQDCTMLVCGDDL	VVICE
HCV-J	1b	279	-----L-T-----K-----N-----	-----
2TY4	1c	280	-----L-----R-----	-----
BNL1	1d	54	-----L-----K-R-----	-----
BNL2	1d	56	-----L-----K-----	-----
FR17	1d	58	-----L-----K-----	-----
CAM1078	1e	62	-----L-----K-----	-----
FR2	1f	64	-----K-----S-----	-----
FR16	1g	68	-----L-A-----K-RE-----	-----
HC-J6	2a	281	-----M-I-V-L-K-IIAP-----	S
HC-J8	2b	282	-----F-M-M-----L-K-IV-PV-----	S
ARG8	2c	283	-----A-M-----V-----N-IVAP-----	-----
NE92	2d	284	-----F-M-I-V-Q-K-IIAP-----	S
BNL3	2e	70	-----H-----M-I-----L-K-IVAP-----	S
FR4	2f	72	-----M-I-V-L-K-IVAP-----	S
BNL5	2h	74	-----M-I-V-L-K-IVAP-----	I-S
FR13	2k	78	-----M-----L-Q-----IVAP-----	S
FR18	2l	80	-----F-M-I-V-M-----IDAP-----	S
BR34	3a	285	-----P-F-I-----T-A-----RNPDP-----	VA
BR36	3a	286	-----P-F-I-----T-AK-----RSPDF-----	VA
BR33	3a	287	-----P-F-I-----T-AK-----RNPDP-----	VA
T9	3b	288	-----P-F-I-----K-S-----K-PSF-----	VS
PAK64	3g	82	-----P-Y-I-----A-----PSF-----	VA

72/74

Fig. 6D

GB48	4C	289	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	IK	---	R	---	A		
GB116	4C	290	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	A		
GB215	4C	291	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	S	---	R		
GB358	4C	292	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	A		
GB809	4e	293	---	Y	---	F	---	M	---	L	---	S	---	I	---	K		
CAMG22	4f	294	---	Y	---	F	---	FL	---	T	---	TK	---	K	---	A		
GB549	4g	295	Q	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	V	---	T	---	KG-S	
GB438	4h	296	L	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	T	---	T	---	K	
CAR4/120541	4i	297	I	---	Y	---	F	---	L	---	T	---	T	---	T	---	K	
CAR1/501	4j	298	Q	---	F	---	F	---	L	---	T	---	T	---	T	---	K	
EG13	4?	299	---	F	---	F	---	L	---	T	---	I	---	R	---	A		
BNL8	4k	84	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	A		
BNL12	4l	86	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	T	---	T	---	K		
EG81	4m	88	---	Y	---	F	---	L	---	T	---	T	---	T	---	K		
BE95	5a	300	---	F	---	M	---	M	---	L	---	S	---	R	---	R		
CHR18	5a	301	---	F	---	M	---	M	---	L	---	S	---	R	---	R		
VN13	7a	90	---	---	LA	---	L	---	L	---	Q	---	K	---	FD	---	S	
VN4	7c	92	---	---	L	---	L	---	L	---	Q	---	K	---	KNVD	---	A	
VN12	7d	94	---	F	---	L	---	M	---	L	---	Q	---	XK	---	KNFD	---	A
FR1	9a	96	Q	---	P	---	M	---	I	---	FL	---	T	---	FT	---	YD	
NE98	10a	98	---	---	P	---	F	---	I	---	---	K	---	TK	---	IKNPSF	---	A
FR14	11a	100	---	F	---	L	---	M	---	---	K	---	K	---	IV	---	PV	
FR15	11a	102	---	F	---	L	---	M	---	---	X	---	KX	---	IV	---	PV	
FR19	11a	106	---	F	---	L	---	M	---	---	K	---	K	---	K	---	IV	



73/74

Fig. 6E

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a	278	SAGVQEDAAASLRA	
HCV-J	1b	279	---T---A---	
BE90	1b	302	---T---V	
BNL1	1d	54	---E---N---	
BNL2	1d	56	---E---N--V	
FR17	1d	58	-X-E---N--V	
CAM1078	1e	62	-V-T-----	
FR2	1f	64	IE-XX-PS	
FR16	1g	68	-----	
HC-J6	2a	281	-Q-TE-ERN---	
HC-J8	2b	282	-Q-NE-ERN---	
NE92	2d	284	-Q-TE-ERN---	
BNL3	2e	70	-Q-E-DRN-	
FR4	2f	72	-Q-AE-ERN--V	
BNL5	2h	74	-Q-TE-ERN--V	
FR13	2k	78	-Q-TER-ENN--P	
FR18	2l	80	-Q-TE-ERN--V	
BR34	3a	285	-	
BR36	3a	286	-	
BR33	3a	287	-	
T9	3b	288	-C--E--R-A---	
PAK64	3g	82	-CX-D-EDRAALR	

74/74

Fig. 6F

GB48	4C	289	-D--E--KRP-G-
GB116	4C	290	-D--E--KRA-G-
GB215	4C	291	-D--E--KRA-GV
GB358	4C	292	-D--E--KRA-G-
GB809	4e	293	-G--E--KRX-G-
CAMG22	4f	294	-D--E--RRA-G-
GB549	4g	295	-G--E--RA--
GB438	4h	296	-G--E--RA--
CAR4/12054i	297	297	-I-ID--KQA--T
CAR1/501 4j	298	298	---E--PXTX-P
BNL8	4k	84	-D--E--NRA-X-
BNL12	4l	86	-E--E--SQP--
EG81	4m	88	-D--D--RRA-Q-
BE95	5a	300	-Q-TH--E----
CHR18	5a	301	-Q-TH--K----
VN13	7a	90	-L--S--TSA--
VN4	7c	92	-G--S--VDA--
VN12	7d	94	-G--P--GA--V
FR1	9a	96	---N--I--N----
NE98	10a	98	---ID--KSA--
FR14	11a	100	-K--E--QRD--V
FR15	11a	102	-K--E--QRD--
FR19	11a	106	-K--E--QRD--